



Universidad DE Valladolid

ESCUELA TÉCNICA SUPERIOR DE INGENIEROS DE TELECOMUNICACIÓN

TESIS DE MÁSTER

MÁSTER UNIVERSITARIO EN INVESTIGACIÓN EN TECNOLOGÍAS DE LA
INFORMACIÓN Y LAS COMUNICACIONES

MÉTODOS AUTOCALIBRADOS DE RECONSTRUCCIÓN DE RESONANCIA MAGNÉTICA

Autor:

D. Daniel García Martín

Tutor:

Dr. D. Santiago Aja Fernández

Valladolid, 19 de Septiembre de 2011

TÍTULO: MÉTODOS AUTOCALIBRADOS DE RECONSTRUCCIÓN
DE RESONANCIA MAGNÉTICA
AUTOR: D. DANIEL GARCÍA MARTÍN
TUTOR: DR. D. SANTIAGO AJA FERNÁNDEZ
DEPARTAMENTO: LPI

Tribunal

PRESIDENTE: DR. D.
VOCAL: DR. D.
SECRETARIO: DR. D.

FECHA: 19 DE SEPTIEMBRE DE 2011
CALIFICACIÓN:

Resumen del TFM

La reconstrucción de imagen por resonancia magnética se ha convertido en una importante herramienta de diagnóstico en el campo de la Medicina. Una de sus principales limitaciones era el relativamente elevado tiempo de adquisición que era necesario para la toma de una imagen. Ello fomentó, entre otras soluciones, la búsqueda de métodos de reconstrucción que redujesen estos tiempos de adquisición dando lugar a una familia de métodos para la reconstrucción de imagen por resonancia magnética en paralelo. De entre todos ellos, GRAPPA es uno de los más destacados, debido a su ventaja relativa frente al resto de alternativas. Este trabajo va encaminado en la búsqueda de modificaciones al método GRAPPA original, sobre todo en la etapa de obtención de los coeficientes para la reconstrucción, por medio de la discriminación de ciertas ecuaciones empleadas para el ajuste. Así mismo, se muestra un estudio de las mejoras obtenidas con el empleo de estas modificaciones donde se compara la eficiencia de las mismas respecto del método GRAPPA original.

Palabras clave

comparativa, discriminación, GRAPPA, mejora, pMRI, SENSE, SMASH.

Abstract

Magnetic resonance imaging has become an important diagnostic tool in the field of medicine. A main limitation was the relatively high acquisition time that was needed to get an image. It encouraged, among other solutions, the search for reconstruction methods that would reduce acquisition times, resulting in a family of methods for image reconstruction in parallel MRI. Amongst them, GRAPPA is one of the most prominent due to its relative advantage compared to other alternatives. This work is aimed at seeking modifications to the original GRAPPA method, especially in the stage of obtaining the coefficients for the reconstruction, through the discrimination of certain equations used for adjustment. Likewise, a study shows the improvements achieved with the use of these modifications which compares their efficiency with respect to the original GRAPPA method.

Keywords

comparative, discrimination, GRAPPA, improvement, pMRI, SENSE, SMASH.

AGRADECIMIENTOS

Hace ya año y medio desde que este trabajo de fin de máster comenzó a formar parte de mi día a día. La necesidad de compaginar la dedicación que requería con la vida laboral y personal no ha sido nada fácil, llegando muchas veces a situaciones en las que se veía que no tenía fin. Es en estos momentos cuando uno más necesita ese empujón de sus seres queridos que siempre llega de la manera mas variopinta posible ya fuese como palabra de ánimo, desafío o colaboración, sin el que seguramente se hubiese terminado tirando la toalla.

En especial, agradecer la ayuda de mi padre, Ángel García, por el incesante recordatorio de que ese trabajo de fin de máster tenía que llegar ya a su fin para el cierre de esta etapa. A mi hermano, Ricardo García, miembro del IDELab de la UVA, por el importante aporte realizado en la tarea de redacción de esta memoria gracias a su *expertise* con LaTeX. A Leticia, por su incondicional apoyo y comprensión por mis innumerables ausencias y cambios de humor desde prácticamente los comienzos de este máster.

Por último y no por ello menos importante, también quería agradecer a Santiago Aja, mi tutor, la paciencia que ha tenido durante todo este tiempo, facilitándome todo el material requerido así como la guía para la realización de este trabajo de investigación y haciendo huecos en su agenda para reunirnos de manera que no tuviese que modificar mi horario laboral.

A todos ellos y muchas más personas que no he mencionado y han estado ahí, gracias.

ÍNDICE GENERAL

1. Introducción	1
1.1. Motivación	1
1.2. Objetivos	2
1.3. Estructura de la memoria	2
2. Conocimientos previos	3
2.1. Fundamentos de la Imagen por Resonancia Magnética Nuclear	3
2.2. Ejemplo simplificado de pMRI	5
2.3. Principales métodos de pMRI	7
2.3.1. Parallel Imaging with Localized Sensivities (PILS)	7
2.3.2. SENSitivity Encoding (SENSE)	7
2.3.3. SiMultaneous Acquisition of Spatial Harmonics (SMASH)	9
2.3.4. Autocalibrated SiMultaneous Acquisition of Spatial Harmonics (Auto-SMASH)	10
2.3.5. GeneRalized Autocalibrating Partially Parallel Acquisitions (GRAPPA)	11
3. Planteamiento del estudio	13
3.1. Materiales y métodos	13
3.2. Hipótesis y desarrollo	13
3.2.1. Obtención de los coeficientes para la reconstrucción	17
3.2.2. Reconstrucción de las líneas espectrales no adquiridas	19
3.2.3. Modificaciones al método GRAPPA original implementado	20
4. Experimentación y resultados	23
4.1. Resultados de la adición de ruido gaussiano	23
4.2. Resultados de la discriminación prefijada	26
4.3. Resultados de la discriminación estadística	28
5. Conclusiones y trabajo futuro	35
Apéndices	35
A. Método GRAPPA con discriminación prefijada	39
B. Método GRAPPA con discriminación estadística	43
C. Simulación de adquisición acelerada incluyendo líneas ACS	47

ÍNDICE DE FIGURAS

2.1. Señales emitidas y recibidas en la secuencia <i>spín-eco</i>	4
2.2. Señales emitidas y recibidas en la secuencia <i>spín-eco</i>	5
2.3. Ejemplo ilustrado de adquisición <i>pMRI</i> acelerada	6
2.4. Adquisición <i>pMRI</i> mediante <i>PILS</i>	8
2.5. Adquisición <i>pMRI</i> mediante <i>SENSE</i>	9
2.6. Adquisición <i>pMRI</i> mediante <i>Auto-SMASH</i>	10
2.7. Adquisición <i>pMRI</i> mediante <i>GRAPPA</i>	11
3.1. Imágenes recibidas por cada una de las 8 bobinas (a)(c) junto a su representación logarítmica del módulo en el espacio <i>K</i> (b)(d)	14
3.2. Combinación por suma de cuadrados: (a) Imagen reconstruida, (b) Representación logarítmica del módulo en el espacio <i>K</i>	14
3.3. Combinación por suma de cuadrados de las subimágenes obtenidas tras cada perturbación	15
3.4. Máscaras e imágenes reconstruidas tras una perturbación en fase localizada	16
3.5. Distintas dimensiones de bloque para la reconstrucción en función del factor de aceleración y el tamaño de bloque. (a)Bloque 3×2 con $AF=2$. (b)Bloque 5×4 con $AF=2$. (c)Bloque 3×2 con $AF=3$. (d)Bloque 5×4 con $AF=3$	18
4.1. Imagen de referencia	24
4.2. Comparativa para el método <i>GRAPPA</i> añadiendo ruido	25
4.3. Comparativa para el método <i>GRAPPA</i> con discriminación de ecuaciones prefijada con 32 líneas <i>ACS</i>	27
4.4. Comparativa para el método <i>GRAPPA</i> con discriminación de ecuaciones prefijada con 16 líneas <i>ACS</i>	29
4.5. Máscaras obtenidas con la discriminación estadística	29
4.6. Comparativa para el método <i>GRAPPA</i> con discriminación estadística con 32 líneas <i>ACS</i>	31
4.7. Comparativa para el método <i>GRAPPA</i> con discriminación estadística con 16 líneas <i>ACS</i>	33
5.1. Comparativa de las distintas modificaciones para la reconstrucción con 32 líneas <i>ACS</i>	36
5.2. Comparativa de las distintas modificaciones para la reconstrucción con 16 líneas <i>ACS</i>	37

INTRODUCCIÓN

Desde su aplicación al campo de la medicina a principios de los años 80, la reconstrucción de imágenes de resonancia magnética (MRI) se ha convertido en una importante herramienta de diagnóstico por varios motivos:

- Se trata de una técnica no invasiva.
- No se emite ningún tipo de radiación ionizante por lo que se puede emplear en mujeres embarazadas y/o repetir las veces que sean necesarias sin peligro de efectos secundarios adversos de las técnicas que si las emiten.
- Las imágenes obtenidas, además de ser nítidas, presentan un elevado contraste diferenciándose claramente los tejidos y formaciones.

Su funcionamiento se basa el fenómeno de la resonancia magnética que será expuesto explicando el proceso completo hasta la obtención de la imagen.

La importancia de la MRI, propició el inicio de una intensa actividad investigadora enfocada a mejorar sus prestaciones, medidas tanto en términos de calidad de imagen como en tiempo de adquisición, desde dos vertientes:

- Mejoras en el sistema de adquisición.
- Nuevas técnicas de reconstrucción de la imagen a partir de la información adquirida.

Dentro de la primera vertiente, la introducción de los sistemas multibobina en 1990 por Roemer [7], inicialmente con el propósito de aumentar la SNR para obtener imágenes de mayor calidad, abrió las puertas para la aparición, ya dentro de la segunda vertiente, de una serie de técnicas de reconstrucción que perseguían la disminución en el tiempo de adquisición. Fue el nacimiento de la MRI en paralelo (pMRI) cuya filosofía consiste en reemplazar una parte de la codificación de fase por la codificación espacial que proporciona el tener una serie de receptores estratégicamente distribuidos con perfiles de sensibilidad más localizados, eso sí, siempre a cambio de una disminución en la SNR. De este modo se consigue disminuir el tiempo de adquisición y con ello, el tiempo de permanencia del paciente en el escáner para la realización de la prueba.

La degradación de la SNR es un efecto indeseado y contraproducente, ya que afecta adversamente a la calidad de la imagen. Sin embargo, no hay que olvidar que la disminución del tiempo de adquisición va a suponer una importante reducción de los problemas de distorsión provocados por movimientos del paciente durante el proceso, ya que la posibilidad de que ahora se den estos, es menor. De este modo la pérdida de SNR se ve altamente compensada, obteniéndose incluso imágenes de mayor calidad.

1.1 MOTIVACIÓN

Como veremos, muchos son los métodos de pMRI surgidos desde aquel entonces, aunque hoy en día en sistemas comerciales por sus cualidades, los más predominantes sean SENSE (SENSitivity Encoding) y GRAPPA (GeneRalized Autocalibrating Partially Parallel Acquisitions) así como sus variantes. Ambos tienen sus ventajas e inconvenientes y como veremos más adelante, la conveniencia de la utilización de uno u otro, depende fuertemente del escenario para el que se realice la adquisición. Sin embargo, para la mayoría de aplicaciones, es GRAPPA quién ofrece mejores resultados por el hecho de ser una técnica autocalibrada.

Existe una gran cantidad de artículos proponiendo variantes y mejoras en torno a la idea del método GRAPPA como [8] y es por ello que este trabajo está enfocado en esa misma línea, en la búsqueda de posibles mejoras con el fin de mantener la misma SNR que el método original pero permitiendo factores de reducción mayores.

1.2 OBJETIVOS

Una vez descrito el contexto en el que se desarrolla el Trabajo de Fin de Máster y expuesta la necesidad de reducir el tiempo de adquisición de las imágenes médicas se establece el siguiente objetivo del TFM:

Conseguir una mejora lo más robusta posible dentro del grupo de técnicas pMRI que permita reducir los tiempos de adquisición manteniendo la calidad de imagen

Para poder lograrlo se plantean varios objetivos parciales, los cuales son descritos a continuación en orden lógico de consecución:

- *Conocer los distintos métodos pMRI existentes así como sus propiedades y fundamentos e identificar cuáles se utilizan actualmente.*

Para alcanzar este objetivo se estudia literatura relacionada, sobre todo *surveys* sobre el estado del arte en pMRI para conocer cuál ha sido la evolución en los últimos años.

- *Elegir y estudiar exhaustivamente un método pMRI de entre los utilizados en los sistemas actuales presentes en el mercado al que buscar posibles mejoras.*

Para alcanzar este objetivo se estudia literatura relacionada, sobre todo publicaciones específicas que aborden el método elegido.

- *Llevar a cabo una implementación del método en una herramienta de manera que se puedan llevar a cabo simulaciones de cada modificación candidata de mejora.*

Para alcanzar este objetivo y ya una vez conocida la operativa del método elegido, se programa una implementación del mismo a la que se van introduciendo modificaciones de manera que se pueda ver la evolución de manera gradual de los resultados así como poder compararlos con una implementación del método actual.

De la consecución de estos objetivos se espera obtener como contribución una mejora en el método finalmente escogido cuyo traslado a los sistemas actuales pueda ser realizada de la manera más sencilla posible.

1.3 ESTRUCTURA DE LA MEMORIA

La memoria está organizada de la siguiente manera: En el capítulo 1, se ha contextualizado el trabajo realizado y se han mostrado tanto la motivación como los objetivos de este trabajo de investigación. A continuación, en el capítulo 2, se exponen los conceptos básicos de la pMRI así como el detalle de las principales técnicas existentes. Seguidamente, en el capítulo 3, se describen los materiales y métodos empleados para la obtención de los resultados al tiempo que se exponen las hipótesis y trabajo desarrollado debidamente justificado. Ya en el capítulo 4, se muestran los resultados obtenidos y su comparación con el método GRAPPA original. Por último en el capítulo 5, se exponen las conclusiones obtenidas tras este estudio así como la propuesta de posibles líneas de trabajo futuras como continuación al mismo.

CONOCIMIENTOS PREVIOS

Esta sección se inicia con la explicación del fenómeno de la resonancia magnética nuclear y se expone como se puede acabar reconstruyendo una imagen a partir de éste. Acto seguido se presenta un ejemplo simplificado para comprender en que consiste la idea de la pMRI para seguidamente hacer una clasificación y repaso de los principales métodos de reconstrucción. Esto permitirá conocer las bases tanto de la MRI como de la pMRI facilitando la comprensión del resto del estudio, como conocer el motivo por el que se ha escogido GRAPPA como método objetivo al que buscar posibles mejoras.

2.1 FUNDAMENTOS DE LA IMAGEN POR RESONANCIA MAGNÉTICA NUCLEAR

Atendiendo a la composición de la materia del cuerpo humano, se observa que aproximadamente un sesenta y tres por ciento de la misma está compuesta por átomos de hidrógeno, siendo el isótopo 1_1H el más predominante [6]. Estos átomos poseen un único protón en su núcleo con un espín no nulo y por consiguiente cuentan con un vector momento magnético. Todos estos átomos, con sus respectivos momentos magnéticos, forman un campo magnético que en reposo es nulo ya que sus contribuciones se cancelan entre sí. Sin embargo, si se aplica un campo magnético \vec{B} , los núcleos tienden a orientar su espín de forma paralela al campo magnético \vec{B} siendo posibles dos orientaciones: La paralela, correspondiente al nivel bajo de energía y la antiparalela correspondiéndose al nivel alto.

La justificación matemática de la resonancia magnética nuclear fue desarrollada por Félix Bloch, quien formuló la siguiente ecuación que describe el movimiento de un spin en un campo magnético [5]:

$$\frac{\partial \vec{M}}{\partial t} = \gamma (\vec{M} \times \vec{B}) \quad (2.1)$$

donde \vec{B} es el campo magnético, el vector \vec{M} es la suma de todos los momentos magnéticos individuales de los espines de la muestra y γ la constante giromagnética. El vector $\frac{\partial \vec{M}}{\partial t}$ es perpendicular tanto a \vec{M} como a \vec{B} por lo que en presencia de un campo magnético externo, el momento magnético neto \vec{M} debe describir un movimiento circular o de precesión. En el caso de que \vec{B} sea constante, \vec{M} rota con una velocidad angular constante ω que depende sólo de $|B|$. Esta velocidad angular se conoce como frecuencia de Larmor $\omega = \gamma \cdot |B|$ y está asociada a la diferencia energética entre las dos orientaciones.

Según esto, si se aplica un campo \vec{B} por ejemplo en la dirección z, al cabo de un cierto tiempo los espines se alinearan paralelamente al campo aplicado dónde además a temperatura ambiente predominará la orientación paralela, es decir la de baja energía. Esto implica que la magnetización neta que se crea sólo tiene componente M_z alcanzando un valor máximo M_{z0} . Si en esta situación se emite un pulso de radiofrecuencia que genere un campo \vec{B}_1 ortogonal a \vec{B} , oscilando a la frecuencia de Larmor y que sea capaz de comunicar la energía necesaria para saturar el sistema de espines, se puede conseguir que la componente M_z se anule. La constante de tiempo que describe como M_z retorna a su valor de equilibrio M_{z0} es el tiempo de relajación spin-red ó T1.

$$M_z = M_{z0} (1 - e^{-t/T1}) \quad (2.2)$$

Al mismo tiempo, la componente de magnetización M_{xy} que haya aparecido en el plano XY por la aplicación del pulso comenzará a girar a la frecuencia de Larmor ya que los espines precesan en fase. Tras la excitación, el movimiento de precesión de los diferentes espines comenzará a desfasearse puesto que están sometidos a campos magnéticos ligeramente diferentes y por tanto tendrán diferentes frecuencias de Larmor y así poco a poco la

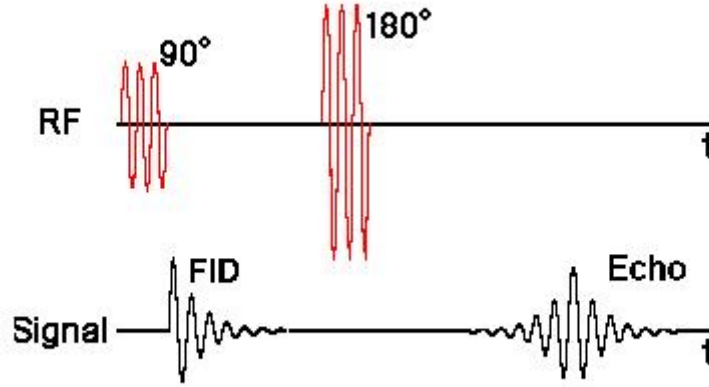


FIGURA 2.1: Señales emitidas y recibidas en la secuencia spin-eco

magnitud de la componente M_{xy} irá retornando a su valor original nulo. La constante de tiempo que describe como M_{xy} retorna a su valor de equilibrio es el tiempo de relajación spin-spin ó T2.

$$M_{xy} = M_{xy0} \cdot e^{-t/T2} \quad (2.3)$$

Los procesos T1 y T2 ocurren simultáneamente siendo la constante T2 siempre menor o igual que T1 [4]. Es decir, primero desaparece la componente transversal de la magnetización para finalmente reaparecer únicamente con componente longitudinal. Para la NMR la componente de la magnetización de interés de es la transversal y la señal que se recoge tras este proceso depende de la secuencia aplicada.

Una secuencia no es más que un conjunto de pulsos aplicados con determinadas propiedades. La más común es la secuencia spin-eco. Consiste en aplicar un pulso de RF que rote la magnetización 90° al plano transversal. Un tiempo después se aplica otro pulso ahora a 180° que hace que la magnetización se refase produciendo una señal de eco que puede describirse de la siguiente manera siempre y cuando $TR \gg TE$:

$$M_{xy}(TE) \cong M_{z0} \left(1 - e^{-\frac{TR}{T1}}\right) \cdot e^{-\frac{TE}{T2}} \quad (2.4)$$

donde $M_{xy}(TE)$ es el valor de la componente transversal de magnetización en el momento de adquisición de la señal, M_{z0} es proporcional al campo magnético B y a la densidad de espines y los términos exponenciales describen la evolución temporal de las componentes longitudinal y transversal. Esto lleva a dos parámetros clave, el tiempo de eco TE , que es el tiempo entre la excitación y la detección y el tiempo de repetición TR que es el tiempo entre excitaciones consecutivas. T1 y T2 son las constantes de tiempo de relajación para las componentes M_z y M_{xy} respectivamente. En la figura 2.1 se muestra en un diagrama de tiempos la duración y posición relativas de los dos pulsos aplicados así como de las señales recibidas.

Una vez expuesto el fenómeno de resonancia magnética es inmediato que, si se ubica un paciente en un campo magnético constante y se aplica un pulso de radiofrecuencia responderán al mismo tiempo todos los vóxeles del cuerpo, con lo que será imposible discernir de dónde proviene cada contribución. Para solucionar este problema se usan los gradientes que consisten en superponer un campo magnético que varíe gradualmente y paralelo al campo \vec{B} consiguiendo que el campo magnético total sea diferente en cada sección comprendida entre los pies y en la cabeza del paciente. En esta nueva situación, si se aplica al cuerpo un pulso de radiofrecuencia de frecuencia ω solo responderán los vóxeles del plano que esté expuesto al campo $B + G(z)$ (Donde B es el campo magnético constante y G(z) el valor del gradiente en la sección determinada por z) que haga que la frecuencia de Larmor coincida con la frecuencia del pulso aplicado. Si el gradiente varía de forma lineal entonces la frecuencia de resonancia es proporcional a la posición del spin y de este modo se lleva a cabo la selección de la sección bajo estudio. Normalmente existen tres gradientes para la captación de imágenes (X,Y,Z) para ubicar el vóxel en las tres dimensiones cuyo modo de aplicación puede variar en función de la secuencia empleada.

Para el caso de generación de imágenes por medio de la secuencia spin-eco el mecanismo queda ilustrado en el diagrama de la figura 2.2. Se muestran en este orden y de arriba a abajo los pulsos de radiofrecuencia aplicados, los gradientes de selección de sección G_s , codificación en fase G_ϕ y frecuencia G_f y por último la señal recibida S . Se comienza con la aplicación simultánea de un pulso de RF a 90° con un gradiente de selección de sección. Transcurrido un tiempo $TE/2$ se emite otro pulso pero ahora a 180° y de nuevo acompañado del gradiente de selección de sección. Entre ambos pulsos de radiofrecuencia se aplica el gradiente de codificación de

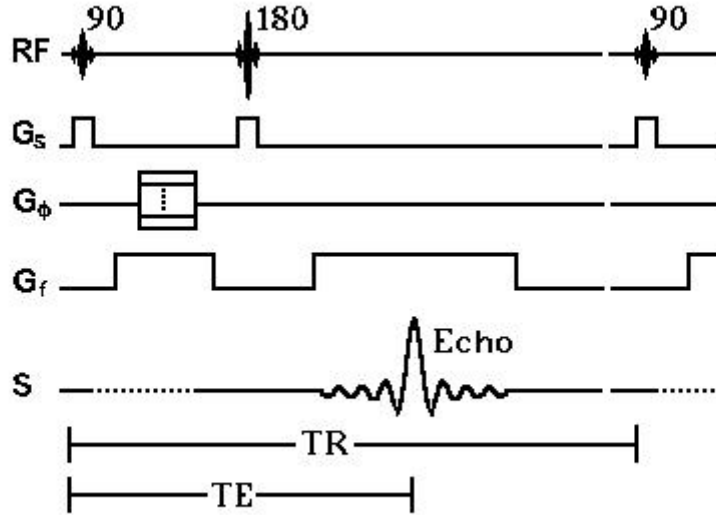


FIGURA 2.2: Señales emitidas y recibidas en la secuencia spín-eco

fase cuya amplitud varía en cada iteración en 128 o 256 pasos entre G_{ϕ_m} y $-G_{\phi_m}$. El gradiente de codificación de frecuencia se aplica después del pulso de RF a 180° durante el tiempo en que se está recibiendo la señal de eco puesto que la señal FID que se recibe después de cada pulso RF a 90° no se utiliza. Además se aplica un gradiente de codificación en frecuencia adicional entre ambos pulsos para desfasar los espines para que se refasen en el centro del eco. Esta secuencia se repite cada TR segundos hasta que todos los pasos de codificación de fase se hayan realizado. Una vez completado el examen y tras haber recibido y muestreado las señales de eco se tendrá una matriz con tantas filas y columnas como codificaciones en fase y muestreos se hayan realizado respectivamente. La señal que se recibe en la antena es la contribución total de cada vóxel excitado:

$$S(t) = \iint M_{xy}(x, y) \cdot e^{j(\omega(x, y)t + \phi(x, y))} dx dy \quad (2.5)$$

dónde $\omega(x, y) = \gamma G_f x$ y $\phi(x, y) = \gamma G_\phi y \tau$. Sustituyendo en la ecuación 2.5:

$$S(t) = \iint M_{xy}(x, y) \cdot e^{j(\gamma G_f x t + \gamma G_\phi y \tau)} dx dy \quad (2.6)$$

llamando $k_x = -\gamma G_f t$ y $k_y = -\gamma G_\phi \tau$ se tiene que:

$$S(t) = \iint M_{xy}(x, y) \cdot e^{-j(k_x(t)x + k_y y)} dx dy \quad (2.7)$$

Donde se identifica que la señal recibida $S(t)$ es la transformada de Fourier 2D del vector magnetización transversal M_{xy} . Es inmediato que la transformada inversa de Fourier 2D de la señal recibida proporciona la intensidad de los píxeles de la imagen por resonancia magnética adquirida.

2.2 EJEMPLO SIMPLIFICADO DE PMRI

Vamos a plantear un sencillo ejemplo que nos permitirá entender como se puede conseguir un aumento en la velocidad de adquisición sustituyendo parte de la codificación en fase por codificación espacial. Imaginemos que disponemos de una única bobina receptora que abarca todo el volumen para llevar a cabo la adquisición y que se han requerido N codificaciones de fase para obtener la imagen completa (Figura 2.3a). Ahora supongamos que disponemos de un array de dos bobinas receptoras independientes, cada una cubriendo una mitad del campo de visión de la imagen (FOV) en dirección de codificación de fase, con perfiles de sensibilidad uniformes y disjuntos entre sí (Figura 2.3b). Con esta nueva configuración, la primera bobina sólo detecta la mitad superior (Figura 2.3c), lo mismo que la segunda sólo la mitad inferior (Figura 2.3d) empleando de nuevo N codificaciones de fase. A la vista de estos resultados, se puede reducir a la mitad la FOV de la imagen de cada una de las dos bobinas

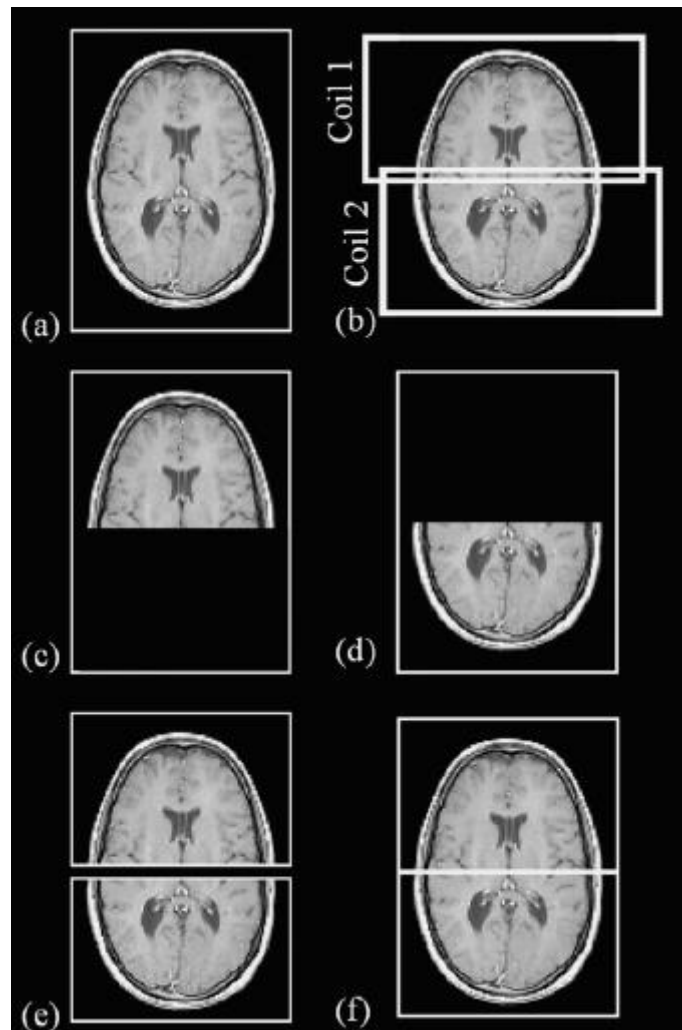


FIGURA 2.3: Ejemplo ilustrado de adquisición pMRI acelerada

implicando una reducción del número de codificaciones, y por tanto del tiempo de adquisición, en un factor $R = 2$ (Figura 2.3e). Por último, combinando adecuadamente estas dos imágenes, se obtiene la imagen de FOV completa (Figura 2.3f). Como resultado, se obtiene la misma imagen que en el caso de una única bobina pero en la mitad de tiempo, eso sí, a costa de reducir la SNR en un factor \sqrt{R} ya que se ha reducido el número de codificaciones de fase realizadas en un factor R .

Este ejemplo, muestra un caso idealizado ya que en realidad, los perfiles de sensibilidad de las bobinas, no son uniformes sino que decaen suavemente y normalmente, en algunas zonas, solapan entre sí. Aún así, ha servido para vislumbrar las principales características y requisitos de las técnicas pMRI:

- Se necesitan múltiples bobinas receptoras independientes con distintos perfiles de sensibilidad distribuidas en torno al volumen a examinar.
- Es necesario disponer de un conocimiento preciso de los perfiles de sensibilidad de cada bobina.
- La SNR de la imagen pMRI adquirida se verá reducida en el mejor de los casos en un factor \sqrt{R} .

2.3 PRINCIPALES MÉTODOS DE pMRI

En la actualidad existe una numerosa cantidad de métodos de pMRI aunque muchos de ellos son variantes de uno preexistente o ya han pasado a un segundo plano por la aparición de otro más eficiente. Aún así, y con el fin de conocer las distintas alternativas en las que se enfocan estos métodos, se puede hacer una clasificación de los mismos atendiendo principalmente, al dominio en el que se lleva a cabo la reconstrucción:

- **Métodos que trabajan en el dominio de la imagen.** Tratan de deshacer el solapamiento que se produce al prescindir de parte de las codificaciones de fase, para lo que se hace imprescindible disponer de un detallado conocimiento de los perfiles de sensibilidad de las bobinas.
- **Métodos que trabajan en el dominio espectral.** Actúan calculando las líneas espectrales no adquiridas en base a las vecinas. Así mismo dentro de este grupo se puede distinguir entre:
 - Métodos que necesitan de un conocimiento preciso los perfiles de sensibilidad de las bobinas receptoras.
 - Métodos autocalibrados. Que son capaces de estimar dichos perfiles por medio de la adquisición de unas líneas espectrales adicionales y que por tanto ya no generan soluciones exactas sino aproximadas.

Con esta clasificación en mente, pasamos a describir algunos métodos de las distintas familias elegidos ya sea por su relevancia a día de hoy o por su importancia al abrir camino a uno de los métodos hoy en día establecidos.

2.3.1 PARALLEL IMAGING WITH LOCALIZED SENSIVITIES (PILS)

PILS es el primer método que se va a presentar por ser el más sencillo de entender. Pertenecer a la familia de métodos que trabajan en el dominio de la imagen y básicamente es una extensión al mundo real del ejemplo simplificado que se ha presentado anteriormente, donde los perfiles de sensibilidad ya no son ideales.

En este caso, cada bobina tiene sensibilidad sobre cada una de las regiones Y_c no detectando nada fuera de ella (Fig. 2a). Acorde con estos perfiles, cada bobina cubre una zona del objeto en la imagen de FOV completa (Fig. 2b). Ahora bien, la realización de una adquisición pMRI acelerada con una FOV reducida en la dirección de codificación de fase, da lugar a una repetición periódica de subimágenes (Fig. 2c), donde siempre y cuando el tamaño de la FOV reducida (Y_i) sea superior al ancho de sensibilidad de las bobinas, las subimágenes aparecerán completamente separadas en la imagen de FOV completa. Aplicando el conocimiento de la ubicación espacial de cada una de las bobinas, se puede extraer la parte de la imagen que interesa (Fig. 2d) para disponerlas en la posición adecuada (Fig. 2e) con el fin de combinarlas para obtener la imagen de FOV y resolución completa (Fig. 2f).

Dentro de las principales ventajas de esta técnica cabe destacar que es la única que alcanza SNR óptimas, únicamente se ve degradada en el factor \sqrt{R} .

$$SNR_{PILS} = \frac{SNR_{full}}{\sqrt{R}} \quad (2.8)$$

Además es una técnica muy ligera en términos de coste computacional por lo que se puede emplear en aplicaciones de tiempo real. Sin embargo, su principal inconveniente es que requiere de una configuración muy específica, sensibilidades muy localizadas y bobinas dispuestas espacialmente de manera lineal, de aquí que su principal aplicación sea para realizar exámenes de médula espinal.

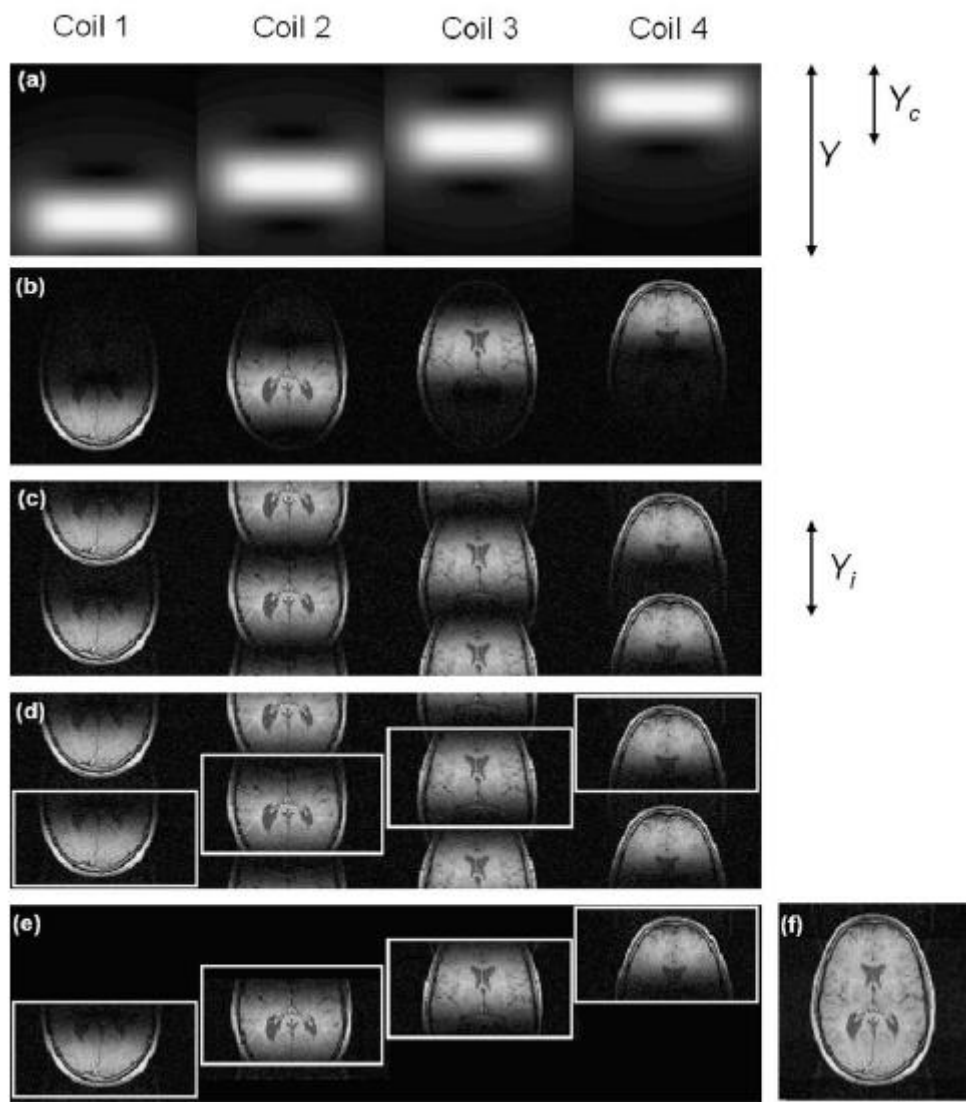


FIGURA 2.4: Adquisición pMRI mediante PILS

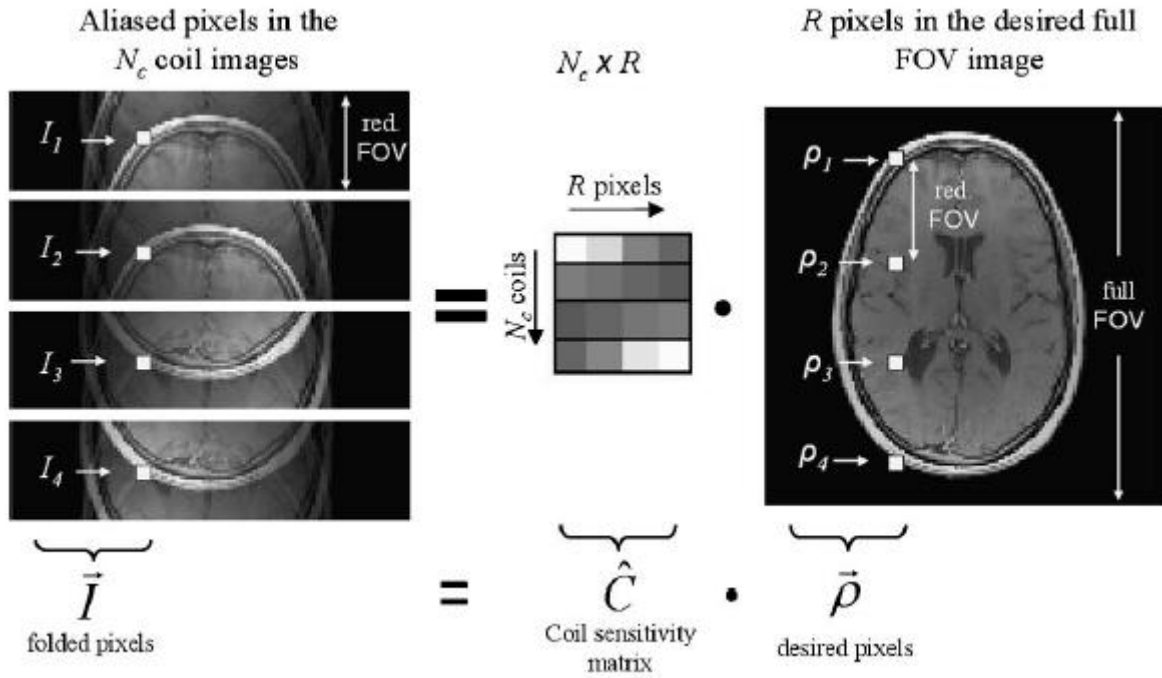


FIGURA 2.5: Adquisición pMRI mediante SENSE

2.3.2 SENSITIVITY ENCODING (SENSE)

Es un método que también trabaja en el dominio de la imagen cuya operativa consiste en deshacer el aliasing que se da al realizar una adquisición acelerada.

La posición y distancia entre repeticiones periódicas en el dominio de la imagen cuando se realizan adquisiciones aceleradas son bien conocidas. En una adquisición pMRI acelerada con un factor de reducción R se da una reducción en la FOV de las imágenes recuperadas por cada bobina en ese mismo factor. Cada píxel de la imagen con FOV reducida obtenida en cada bobina contiene información de R píxeles equitativamente distribuidos de la imagen de FOV completa deseada pesados por el correspondiente coeficiente de sensibilidad en dichos píxeles. Esto se puede describir matemáticamente para cada píxel como una combinación lineal:

$$I_k = \sum_{l=1}^R C_{kl} \rho_l \quad (2.9)$$

Donde k varía entre 1 y el número total de bobinas N_c , I_k es el valor en la imagen de FOV reducida de la bobina k y C_{kl} es la sensibilidad de la bobina k en las R coordenadas (referidas a la FOV completa) de los R píxeles equiespaciados que contribuyen. Por último, recogiendo las k ecuaciones correspondientes a cada bobina se puede representar en notación matricial como:

$$\vec{I} = \tilde{C} \cdot \vec{\rho} \quad (2.10)$$

Este sistema es el que se tiene que resolver para cada una de las localizaciones de los píxeles de la FOV reducida con el fin de recuperar la imagen de FOV completa. Hay que notar, que para que este sistema tenga solución la matriz \tilde{C} ha de ser invertible hecho que fuerza a que el factor de reducción R siempre tenga que ser menor o igual que el número de bobinas N_c .

La ventaja de este método sobre PILS, es que permite configuraciones arbitrarias de las bobinas, es decir, no se requiere una disposición específica de las mismas. Eso sí, esto se consigue a costa de una pérdida adicional en la SNR que dependerá de la configuración específica del array de bobinas, de su número, disposición y la medida en que sus perfiles de sensibilidad solapan en las distintas regiones. Esta degradación adicional en la SNR se modela con un nuevo parámetro llamado factor g o factor de geometría con lo que la SNR resultante de este método es:

$$SNR_{SENSE} = \frac{SNR_{full}}{\sqrt{R} \cdot g} \quad (2.11)$$

En cuanto a sus inconvenientes, el mayor problema que tiene esta técnica es que requiere de un conocimiento preciso de la sensibilidad de las bobinas, por lo que en situaciones de baja SNR o movilidad del objeto bajo estudio quizá sea mejor recurrir a otro tipo de métodos. Sin embargo cuando estos factores no suponen un problema, estamos ante uno de los métodos más óptimos a emplear y es por ello que los principales fabricantes lo incluyen hoy en día en sus sistemas.

2.3.3 SIMULTANEOUS ACQUISITION OF SPATIAL HARMONICS (SMASH)

Es el primero de los métodos que trabajan en el dominio espectral. Su funcionamiento consiste en la estimación de las codificaciones en fase no realizadas a partir de una combinación lineal de los perfiles de sensibilidad. Para ello se parte del supuesto de que es posible generar perfiles de sensibilidad compuestos C_m^{comp} que varíen espacialmente de manera sinusoidal con orden m a partir de una combinación lineal de los perfiles de sensibilidad de cada una de las bobinas receptoras C_k ponderados por unos coeficientes $n_k^{(m)}$:

$$C_m^{comp}(x, y) = \sum_{k=1}^{N_c} n_k^{(m)} C_k(x, y) \cong e^{im\Delta k_y y} \quad (2.12)$$

Donde m especifica el orden del armónico generado, k varía entre 1 y el número total de bobinas N_c y $\Delta k_y = \frac{2\pi}{FOV}$. En la ecuación 2.12 la única incógnita son los coeficientes $n_k^{(m)}$ que se pueden obtener por un ajuste de mínimos cuadrados.

Por otro lado, recordemos que la señal que se recibe a través de cada bobina se corresponde con la transformada de Fourier de la densidad de spin $\rho(y)$ ponderada por su perfil de sensibilidad $C_k(y)$.

$$S_k(k_y) = \int dy \rho(y) C_k(y) e^{ik_y y} \quad (2.13)$$

Combinado las ecuaciones 2.12 y 2.13 se puede derivar una expresión para generar espectros desplazados $S_k(k_y + m\Delta k_y)$ a partir de combinaciones lineales ponderadas de las señales recibidas en cada bobina $S_k(k_y)$.

$$\sum_{k=1}^{N_c} n_k^{(m)} \cdot S_k(k_y) = \int dy \rho(y) \sum_{k=1}^{N_c} n_k^{(m)} C_k(y) e^{ik_y y} \cong \int dy \rho(y) e^{im\Delta k_y y} e^{ik_y y} = S^{comp}(k_y + m\Delta k_y) \quad (2.14)$$

La ecuación 2.14 representa la relación básica para SMASH mostrando que, por medio de la combinación lineal de las señales recibidas en cada bobina ponderadas por los coeficientes $n_k^{(m)}$ ya estimados, se pueden generar las componentes espectrales no adquiridas.

La principal limitación de este método reside en que está fuertemente restringido a configuraciones que sean capaces de generar los armónicos espaciales de la ecuación 2.12 de la manera más precisa posible. Además, al igual que en los métodos anteriores, es necesario tener un conocimiento previo lo más preciso posible de los perfiles de sensibilidad, cosa que no siempre es posible.

2.3.4 AUTOCALIBRATED SIMULTANEOUS ACQUISITION OF SPATIAL HARMONICS (AUTO-SMASH)

Este método se puede ver como una variante de SMASH y su relevancia reside en que fue el primero en incluir el concepto de autocalibración. Su principio de funcionamiento es idéntico al ya expuesto para SMASH, con la salvedad de que el cálculo de los coeficientes $n_k^{(m)}$ ya no se estima a partir de los perfiles de sensibilidad de las bobinas.

Este método lo que requiere es la adquisición de al menos $R - 1$ líneas espectrales adicionales durante el escaneo, denominadas líneas de autocalibración (ACS), que se suelen tomar en la parte central del espectro. Es en base a estas líneas a partir de donde se estiman los coeficientes $n_k^{(m)}$ que se utilizarán en la reconstrucción:

$$S^{comp}(k_y + m\Delta k_y) = \sum_{k=1}^{N_c} S_k^{ACS}(k_y + m\Delta k_y) \cong \sum_{k=1}^{N_c} n_k^{(m)} \cdot S_k(k_y) \quad (2.15)$$

Una vez calculados, el mecanismo para generar las líneas espectrales no adquiridas es idéntico al utilizado en SMASH. El proceso puede verse ilustrado en la figura 2.6.

La principal ventaja que aporta este método es la de no tener que realizar una estimación previa de los perfiles de sensibilidad antes del escaneo y por ello, hacerlo más robusto frente a variaciones o ruido durante la realización del mismo. Aún así, aunque no se utilicen explícitamente los perfiles de sensibilidad de las bobinas, no hay que olvidar que éstos van implícitos en las líneas ACS y que por tanto, la bondad de este método, estará de nuevo ligada a la facilidad con la que se puedan generar armónicos espaciales a partir de los perfiles de sensibilidad

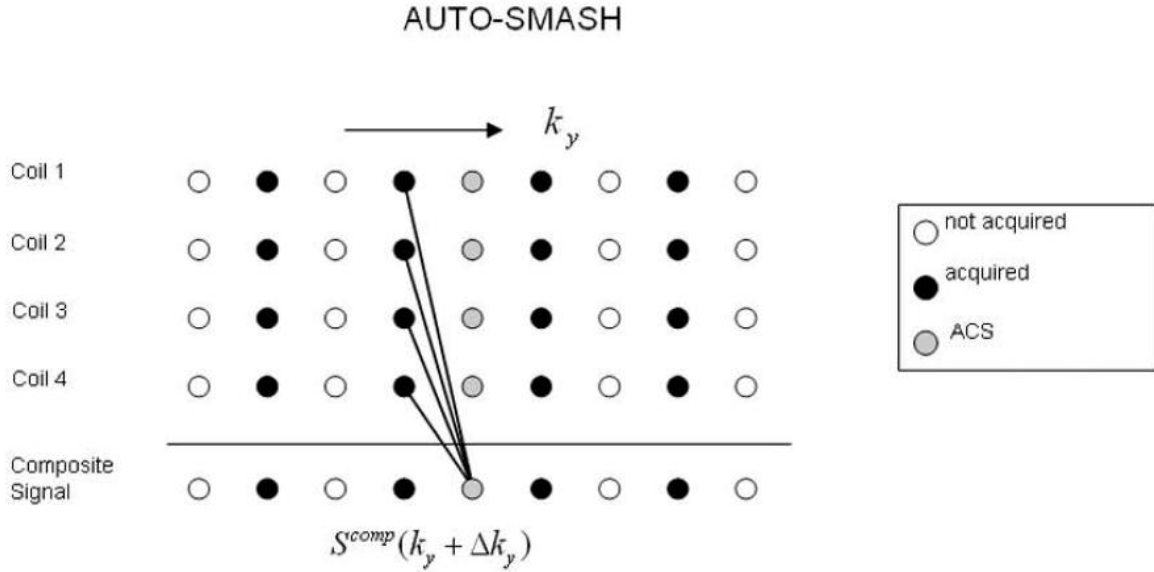


FIGURA 2.6: Adquisición pMRI mediante Auto-SMASH

individuales. Por último, las líneas ACS adquiridas se pueden incluir directamente en el espectro reconstruido sustituyendo las líneas estimadas correspondientes mejorando así la calidad de las imágenes reconstruidas.

2.3.5 GENERALIZED AUTOCALIBRATING PARTIALLY PARALLEL ACQUISITIONS (GRAPPA)

Es un método autocalibrado que puede verse como una variante más generalizada del método Auto-SMASH. Al contrario que en el resto de técnicas espectrales, en GRAPPA la reconstrucción y la optimización de SNR se llevan a cabo en dos etapas diferentes y no en una sola como sucedía en sus predecesores, lo que posibilita que ambas tareas puedan optimizarse por separado.

Se comienza con la reconstrucción, etapa que se lleva a cabo en el dominio espectral. La principal diferencia respecto de SMASH es que se emplea la información de múltiples líneas de cada una de las bobinas para ajustar una línea ACS de una única bobina. Este ajuste proporciona los coeficientes para reconstruir las líneas no adquiridas para dicha bobina y realizando este mismo proceso con el resto de bobinas, se obtienen los coeficientes a utilizar para reconstruir las líneas no adquiridas para cada una de ellas. Este proceso puede verse ilustrado en la figura 2.7 y queda descrito por la siguiente ecuación:

$$S_l^{ACS}(k_y + m\Delta k_y) \cong \sum_{k=1}^{N_c} n_k^{(m,l)} \cdot S_k(k_y) \quad (2.16)$$

Una vez reconstruidas las líneas espectrales no adquiridas por cada una de las bobinas basta con realizar una transformada inversa de Fourier obteniéndose como resultado N_c imágenes separadas, cada una referente a la información recibida por la bobina receptora correspondiente.

El siguiente paso es la optimización de la SNR, etapa que se lleva a cabo en el dominio de la imagen. Consiste en combinar la información de las N_c imágenes anteriores de manera que se maximice la SNR. Existen diversas maneras de hacerlo. Roemer demostró que la simple suma de las imágenes era un método poco óptimo al mismo tiempo que propuso el método de combinación idóneo. El inconveniente que tiene es que para llevarlo a cabo es necesario conocer los perfiles de sensibilidad de las bobinas cosa que no es compatible con una técnica autocalibrada. Sin embargo demostró que en escenarios con alta SNR una simple suma de cuadrados (SOS) constituye una muy buena aproximación a la combinación óptima y es por ello que es la técnica de combinación más utilizada en GRAPPA.

La principal ventaja de GRAPPA sobre el resto de técnicas espectrales es que la combinación se hace por medio de una suma de cuadrados y no como una suma compleja como en las técnicas espectrales predecesoras. Esto da como resultado imágenes de mayor SNR por ser un método de reconstrucción más óptimo además de suprimirse completamente las pérdidas de señal por problemas de cancelación de fase que se podían dar por

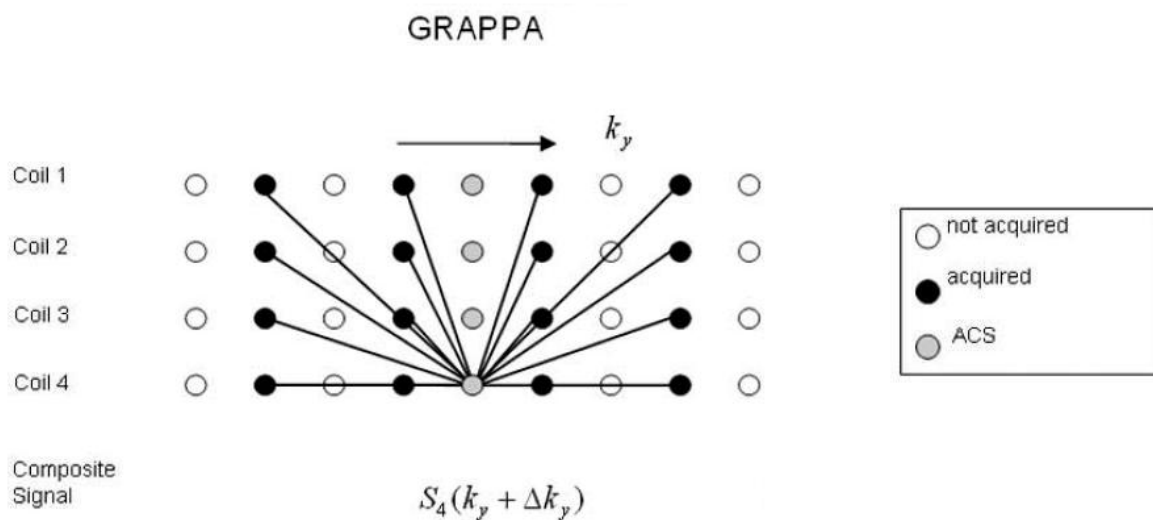


FIGURA 2.7: Adquisición pMRI mediante GRAPPA

ejemplo cuando las fases de las bobinas no estaban exactamente alineadas. Estas mejoras se traducen en mejoras de la SNR en un factor de alrededor de \sqrt{L} cobrando mayor importancia a medida que se aumenta el número de bobinas receptoras. Por otro lado, igual que en SENSE, se permite una configuración de las bobinas más arbitraria así que su correcto funcionamiento no está sujeto a una disposición especial como sucedía en SMASH y PILS. Además, como en AUTO-SMASH, las líneas ACS adquiridas se pueden añadir a los espectros reconstruidos en cada bobina antes de llevar a cabo la combinación. En cuanto a sus inconvenientes se puede decir que cuando los perfiles de sensibilidad son bien conocidos SENSE ofrece resultados ligeramente mejores ya que GRAPPA es un método aproximado.

PLANTEAMIENTO DEL ESTUDIO

3.1 MATERIALES Y MÉTODOS

Para la consecución de los objetivos presentados en este TFM y los resultados mostrados en la siguiente sección, se emplearon los siguientes recursos:

- La herramienta MATLAB, en su versión 7.8.0.347 (R2009a). Todos los scripts desarrollados empleados para obtener las gráficas, imágenes y datos de las tablas fueron programados en el lenguaje de programación de esta herramienta.
- Un ordenador portátil HP Pavilion dv6 de 64 bits con procesador intel i5, 4GB de RAM y sistema operativo Windows 7. Máquina en la que se ejecutaron todas las simulaciones.
- La implementación del método GRAPPA realizada por Scott Hoge (shoge at ieee dot org) basada en [3]. Todas las tentativas de mejora implementadas a lo largo de este TFM fueron testeadas contra esta implementación del método original siendo así la referencia fundamental.
- El fichero de datos adaptado a MATLAB cabezascott.mat. Cedido por W. Scott Hoge, Departamento de Radiología, Brigham and Women's Hospital, Boston y conteniendo la información en el espacio K de una adquisición no acelerada correspondiente al plano axial de una cabeza, realizada con un escáner GE Signa 1.5T EXCITE 11m4 con ocho bobinas, empleando una secuencia de pulsos FGRE con $TR = 500ms$ y $TE = 13,8ms$, dando lugar a una matriz de $256 \times 256 \times 8$ y FOV de 20×20 cm con un grosor de *slice* de 5 mm. La imagen recibida por cada una de las bobinas acompañada de su representación en el espacio K puede verse en la figura 3.1.

Por otra parte, el método empleado para validar la eficacia de las modificaciones introducidas pasa por la implementación del método original en scripts de MATLAB añadiendo las tentativas de mejora de manera que su modo de empleo sea configurable.

Los resultados obtenidos se miden respecto de la imagen de referencia midiendo las diferencias existentes entre la imagen de partida y cada imagen reconstruida según criterios tanto cuantitativos como cualitativos siempre buscando las diferencias que serán consideradas como el error cometido.

Se hace uso por tanto, de métodos puramente numéricos, como los descritos en [2], de los que se han seleccionado para este estudio los errores mínimo y máximos cometidos así como el error cuadrático medio (MSE) medida de mucho más peso que las dos anteriores. El problema de emplearlos como único criterio es que no tienen en cuenta el parecido entre imágenes de una manera más visual. Esta problemática se aborda en [9] donde se presenta un indicador, el SSIM, que compara las imágenes desde el punto de vista de conservación de la forma de la imagen. Un paso más allá se da en [1] dónde a mayores se otorga una menor penalización por efectos de ruido puntual al contrario que para los errores que se puedan dar en los bordes contenidos en la imagen. Ambos indicadores, el SSIM y el QILV retornan un valor entre 0 y 1 dónde los valores más próximos a la unidad reflejan una mayor similitud entre las dos imágenes comparadas.

Así que en definitiva, para validar la bondad las mejoras introducidas, se tomará en cuenta el MSE así como estos dos indicadores, sin olvidar el juicio final efectuado por un observador tras contemplar las imágenes, en casos muy puntuales, como que se tengan indicadores con valores muy similares o para cerciorarse de que la eficiencia que sus valores muestran es coherente con la realidad.

3.2 HIPÓTESIS Y DESARROLLO

Antes de sumergirnos en la tarea de introducir modificaciones al método GRAPPA, es muy importante tener presente cuál es el motivo de que una imagen obtenida en una adquisición pMRI acelerada (aplicando un método

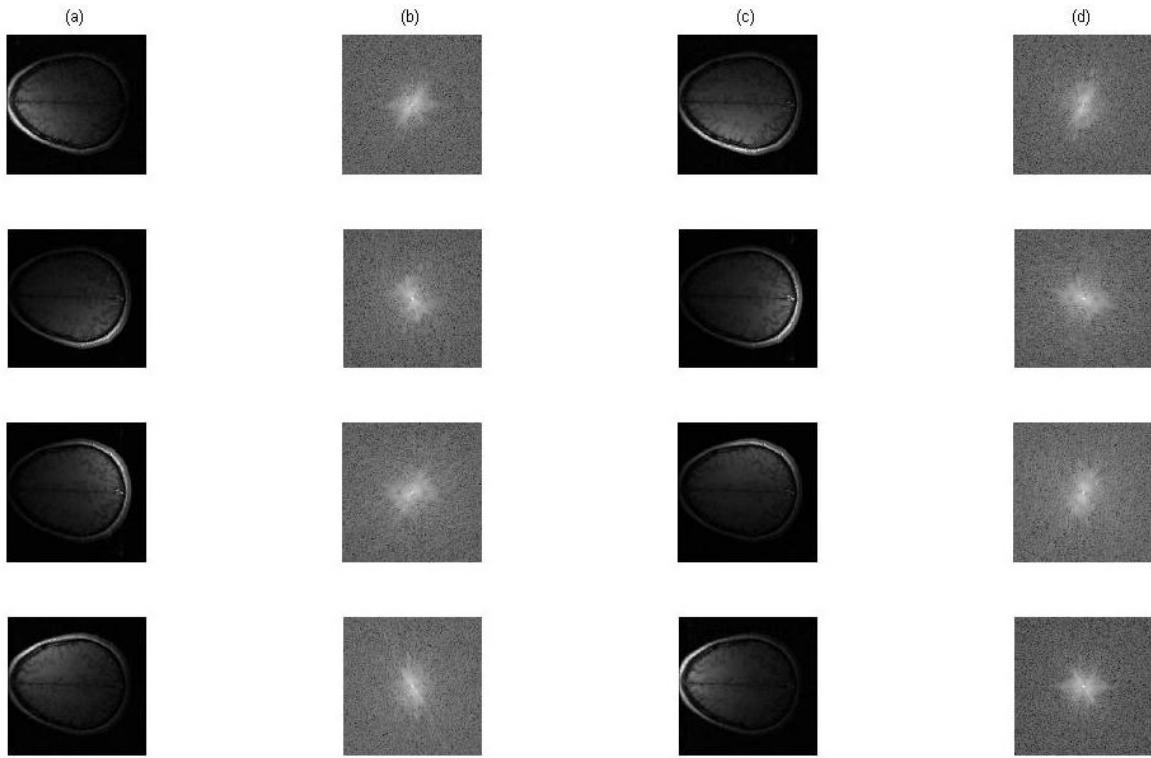


FIGURA 3.1: Imágenes recibidas por cada una de las 8 bobinas (a)(c) junto a su representación logarítmica del módulo en el espacio K (b)(d)

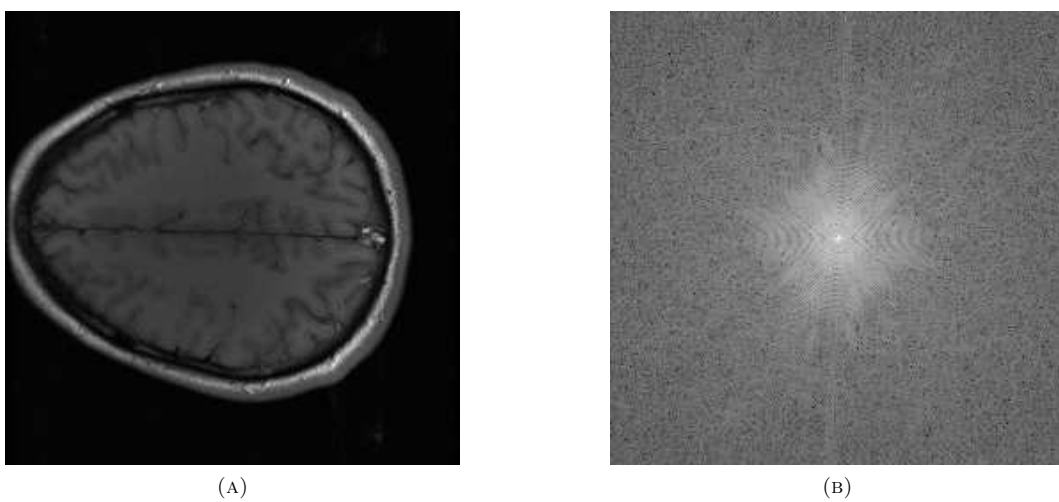


FIGURA 3.2: Combinación por suma de cuadrados: (a) Imagen reconstruida, (b) Representación logarítmica del módulo en el espacio K

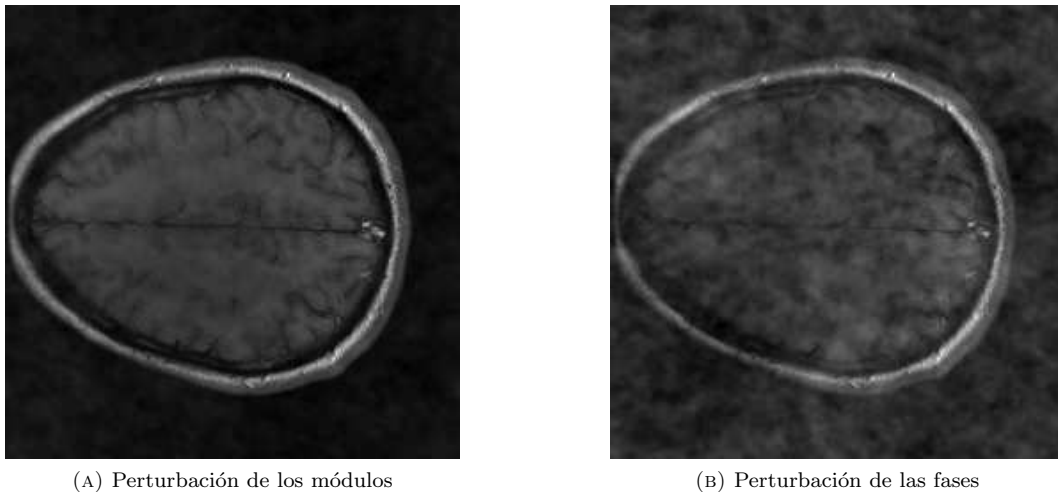


FIGURA 3.3: Combinación por suma de cuadrados de las subimágenes obtenidas tras cada perturbación

cualquiera) difiera de la obtenida adquiriendo todas las líneas espectrales. Todo se reduce a la diferencia existente entre las líneas espectrales generadas por el método y las que realmente se hubiesen adquirido de no haber sido suprimidas las codificaciones en fase correspondientes.

Una vez identificada la causa del problema se plantean una serie de incógnitas.

- ¿Da igual que tipo de perturbación afecte a los coeficientes?

Cada componente que difiera siempre se puede obtener como la componente original multiplicada por un número complejo que lleve a cabo la modificación en módulo y fase correspondiente. La multiplicación por este número complejo es lo que modela la perturbación y por tanto puede ser en módulo y/o fase.

- ¿Una variación de la misma magnitud afecta igual a la imagen reconstruida independientemente de en qué componente del espacio K se aplique?

Para responder estas preguntas se parte de los datos de test cabezascott.mat para los que la imagen obtenida por medio de la aplicación de suma de cuadrados (SOS) así como su representación en el espacio K puede verse en la figura 3.2.

Por otro lado se generan dos sets de factores de perturbación para cada una de las componentes espectrales del espacio K obtenidas por cada bobina. El primero de ellos consiste en una distribución uniforme de valores comprendidos entre 0.000001 y 1.000.000 mientras que el segundo comprende números complejos de módulo unidad y fases determinadas por una distribución normal de media nula y desviación típica $\pi/3$.

El resultado obtenido tras la aplicación de estas perturbaciones por medio de la multiplicación de los factores de perturbación y la representación en el espacio K de cada una de las subimágenes de las ocho bobinas y su posterior composición por una SOS queda reflejado en la figura 3.3 dando respuesta a la primera de las preguntas planteadas: Las variaciones de fase tienen un impacto muy superior frente a las de magnitud.

En el experimento anterior, las perturbaciones se aplicaron en todo el espacio K indiscriminadamente. A continuación y para dar respuesta a la segunda de las cuestiones planteadas, éstas se aplicarán de manera localizada aunque no de manera arbitraria.

Como se expuso en la sección 2.3.5, GRAPPA incluye las líneas ACS en el espacio K asociado a cada subimagen previamente a la reconstrucción. Es por ello que no tiene interés alguno introducir perturbaciones en las líneas centrales del espectro puesto que en la práctica nunca se van a dar variaciones en las mismas. La ubicación de las perturbaciones se llevará en este caso aplicando una máscara. Las regiones del espacio K comprendidas en la zona blanca no se modificarán mientras que las de la zona negra se verán afectadas como en el caso anterior.

El resultado de este experimento puede verse en la figura 3.4, donde tanto la máscara (a) como la (c) tienen en común que previenen de perturbar la región central del espectro. La primera, a mayores conserva el valor original del resto de componentes de frecuencias más bajas mientras que la segunda hace lo propio pero sólo con las correspondientes a frecuencias más elevadas. Por tanto que respondida la última de las dos preguntas planteadas quedando a la vista que el efecto de una variación depende y mucho de la componente frecuencial en que se de, siendo críticas las concentradas en la región de bajas frecuencias del espectro por ser las que concentran la mayor parte de la energía de la imagen.

Resumiendo y en base a las respuestas obtenidas, hay que intentar que las posibles mejoras introducidas al método GRAPPA original consigan que especialmente las componentes frecuenciales reconstruidas más cercanas

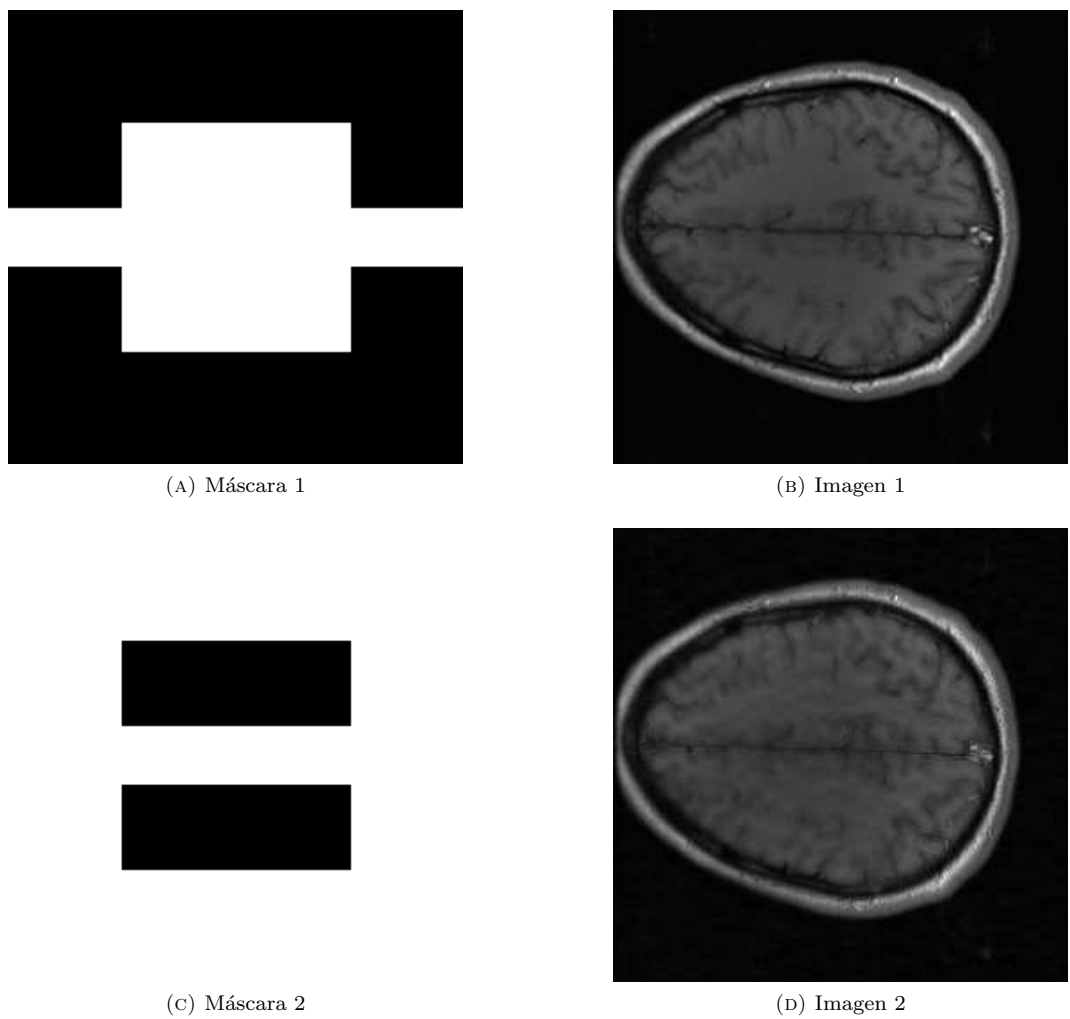


FIGURA 3.4: Máscaras e imágenes reconstruidas tras una perturbación en fase localizada

a la frecuencia cero y no incluidas en las líneas ACS se ajusten de la manera más fiel posible a los valores que se hubieran obtenido en una adquisición no acelerada. Sobre todo, que las fases sean lo más similares posibles ya que su repercusión es mucho mayor que la de las magnitudes.

Bajo esta premisa y para poder llevar a cabo el estudio de la influencia de posibles modificaciones en el método GRAPPA, primero se ha de implementar el método original en un lenguaje que permita llevar a cabo simulaciones que en el caso de este TFM es MATLAB. No es posible tomar como punto de partida el script del método GRAPPA programado por Scott Hoge porque está muy optimizado, suponiendo un problema cuando se quieren introducir modificaciones particulares en algún paso del proceso.

Para ello, y partiendo de la definición del método expuesto en la sección 2.3.5 el proceso consta de dos etapas. La primera, la obtención de los coeficientes para la reconstrucción empleando las líneas ACS y a continuación, la combinación de las componentes espectrales adquiridas en base a éstos, para generar las líneas espectrales no adquiridas.

3.2.1 OBTENCIÓN DE LOS COEFICIENTES PARA LA RECONSTRUCCIÓN

El script desarrollado, a partir de de las líneas espectrales adquiridas y la posición de cada una, separa en una matriz tridimensional las líneas ACS. Una dimensión en dirección de codificación de fase, otra en la dirección de codificación en frecuencia y la otra para cada una de las bobinas. Es decir para el caso de N_c bobinas, N_x codificaciones en frecuencia e Y líneas ACS esta matriz tendrá dimensión YxN_xN_c .

El siguiente paso consiste en construir sistemas de ecuaciones sobredeterminados que permitan obtener los coeficientes de reconstrucción mediante una aproximación de mínimos cuadrados. Para un factor de aceleración $AccFactor$ y N_c bobinas serán necesarios $(AccFactor - 1) \cdot N_c$ sistemas tal como se verá más adelante, dando lugar por tanto a ese mismo número de juegos de coeficientes.

En base al tamaño de bloque especificado para usar en la reconstrucción (que será impar en dirección de codificación de frecuencia y par en dirección de codificación de fase) y el factor de aceleración, se obtienen las dimensiones del bloque que se emplea para la generación de cada una de las ecuaciones de los sistemas. Cada una de las ecuaciones, se obtiene por medio de un mecanismo de bloque deslizante sobre las matriz de líneas ACS, que previamente ha sido ampliada, recorriéndola comenzando desde la esquina superior izquierda y avanzando de arriba a abajo y de izquierda a derecha en saltos de uno, hasta llegar a la esquina inferior derecha.

La ampliación de la matriz de líneas ACS se lleva a cabo añadiendo columnas a ambos extremos teniendo en cuenta la periodicidad de la Transformada de Fourier Discreta bidimensional. El número de columnas a añadir a ambos lados es el mismo y viene determinado por el tamaño del bloque usado en la reconstrucción. Concretamente, es el número de columnas del bloque menos uno y dividido entre dos. Con esta sencilla modificación, la aplicación del bloque en la posición inicial se corresponde con una componente de la primera columna de la matriz de líneas ACS original mientras que la aplicación en la última posición se corresponde con una componente de la última columna de la matriz original. Esto permite maximizar el número de ecuaciones en cada uno de los sistemas.

En la figura 3.5 se muestran distintos bloques en función del factor de aceleración (AF) y el tamaño de bloque definido. Si se representa cada sistema de ecuaciones como:

$$[A] \bullet [C_{ij}] = [B_{ij}] \quad (3.1)$$

Se tiene que:

- $[A]$, es una matriz con tantas filas como desplazamientos de bloque a lo largo y ancho de la matriz de líneas ACS ampliada se hayan realizado y tantas columnas como cuadros negros tenga el bloque empleado en la reconstrucción multiplicado por en número de bobinas receptoras.
- i y j son dos índices que varían entre 1 y el número de bobinas N_c y 1 y $AF - 1$ respectivamente.
- $[C_{ij}]$, es un vector columna con tantas filas como cuadros negros tenga el bloque empleado en la reconstrucción multiplicado por en número de bobinas receptoras.
- $[B_{ij}]$, es un vector columna con tantas filas como desplazamientos de bloque a lo largo y ancho de la matriz de líneas ACS ampliada se hayan realizado.

La manera de generar cada ecuación del sistema es la siguiente:

- Cada fila de la matriz $[A]$, está compuesta por las componentes frecuenciales que caen bajo los cuadros negros del bloque de reconstrucción tal como está ilustrado en la figura 3.5.
- La correspondencia de cada elemento del vector columna $[B_{ij}]$ depende del factor de aceleración elegido así como de la bobina para la que se estén generando los coeficientes. Para el caso de factor de aceleración dos (que es el más sencillo) y que se estén obteniendo los coeficientes de reconstrucción para la bobina N_i , el elemento se corresponde con la componente de la subimagen de la bobina N_i que cae bajo el cuadro relleno con un círculo. Para el caso de factor de aceleración mayor que dos y que se estén obteniendo los

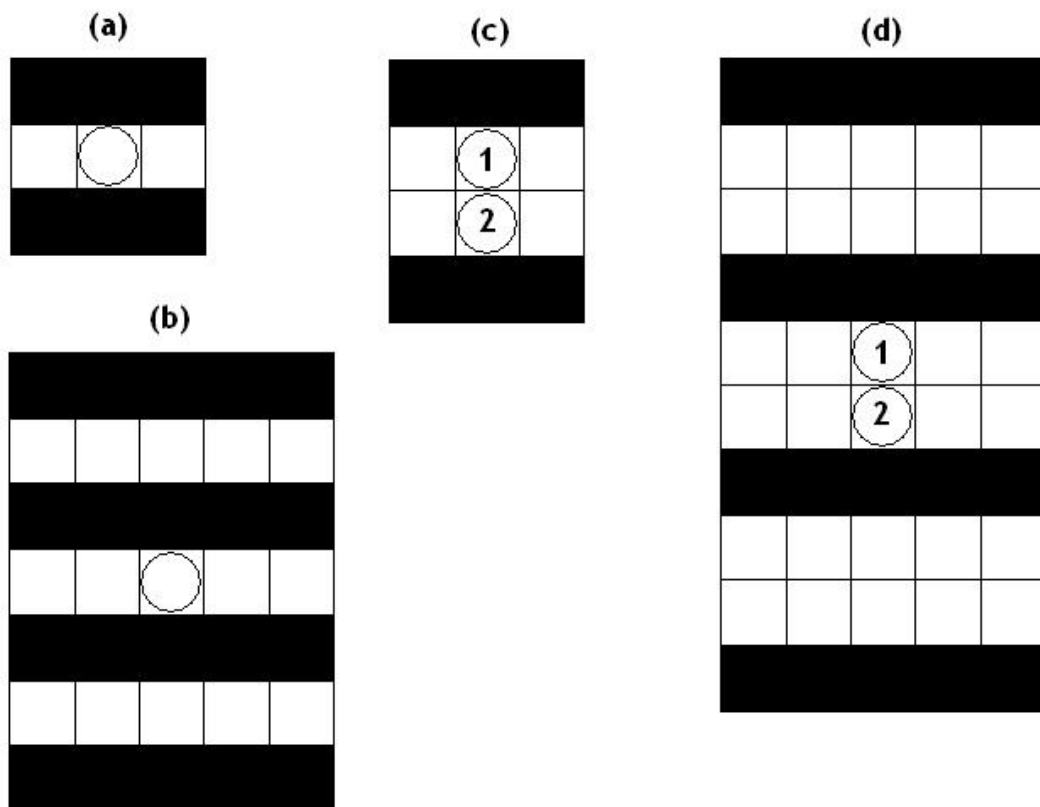


FIGURA 3.5: Distintas dimensiones de bloque para la reconstrucción en función del factor de aceleración y el tamaño de bloque. (a)Bloque 3x2 con $AF=2$. (b)Bloque 5x4 con $AF=2$. (c)Bloque 3x2 con $AF=3$. (d)Bloque 5x4 con $AF=3$

coeficientes de reconstrucción para la bobina N_i y la fila j -ésima del centro del bloque (con j variando entre 1 y $AF - 1$), el elemento se corresponde con la componente de la subimagen de la bobina N_i que cae bajo el cuadro relleno con un círculo con el número j .

Una vez generados los sistemas de ecuaciones sobredeterminados, los elementos del vector $[C_{ij}]$ se obtienen por una solución de mínimos cuadrados del sistema generado correspondiente. El conjunto de todos los vectores $[C_{ij}]$ obtenidos a partir de cada uno de los sistemas generados conforma los coeficientes que se emplearán en el siguiente paso que es la reconstrucción.

3.2.2 RECONSTRUCCIÓN DE LAS LÍNEAS ESPECTRALES NO ADQUIRIDAS

Para la realización de ésta segunda etapa, el primer paso consiste en disponer las líneas espectrales adquiridas en una matriz de con un ancho y alto determinado por la FOV de la imagen original y una profundidad igual al número de bobinas empleadas en la adquisición. Cada línea se ubica en la posición que hubiesen ocupado en una adquisición no acelerada teniendo en cuenta las siguientes consideraciones:

- Las líneas que no se hubiesen adquirido en una adquisición acelerada de muestreo uniforme, es decir las líneas que se han adquirido a mayores para poder llevar a cabo la autocalibración, no se incluyen en esta matriz en un principio.
- Las filas de la matriz que no se corresponden con ninguna posición de las líneas adquiridas ubicadas se rellenan con ceros.

El siguiente paso consiste en poblar las filas de la matriz rellenas con ceros, ésto es, generar las codificaciones de fase no realizadas. La manera de hacerlo es muy similar a la empleada para obtener los coeficientes para la reconstrucción. De nuevo se emplea el mecanismo de bloque deslizante y de nuevo hay que ampliar la matriz para poder llevarlo a cabo adecuadamente aunque con ligeras diferencias.

La ampliación en este caso puede acabar llevándose no sólo a lo ancho si no también a lo alto. Ello dependerá tanto del bloque para la reconstrucción como de las posiciones de la primera y última líneas adquiridas en la imagen de FOV. La manera de implementarla es la siguiente:

- Se genera una nueva matriz formada a partir de la matriz original rodeándola de ocho copias de ella misma, volviendo a hacer uso por tanto de la propiedad de periodicidad de la Transformada de Fourier Discreta.
- A continuación se recorta esta nueva matriz en base a las dimensiones del bloque empleado en la reconstrucción. Para ello, y volviendo a los esquemas de la figura 3.5, se coloca el bloque de manera que el círculo (o círculos en caso de $AF > 2$) coincidan con la/s primera/s fila/s de la matriz original (la ubicada en el centro) correspondiente/s a codificaciones en fases no realizadas (filas rellenas con ceros) y estén situados sobre la primera columna de la matriz original. Una vez colocado el bloque de esta manera, se desechan las filas superiores y columnas por la izquierda de la matriz ampliada que quedan fuera del límite marcado por los extremos superior e izquierdo del bloque respectivamente. de modo que la matriz original, contenida en el centro, quede comprendida a izquierda y derecha entre unos márgenes de la misma anchura que los de la matriz de líneas ACS ampliada. Por último se coloca el bloque de manera que el círculo (o círculos en caso de $AF > 2$) coincidan con la/s última/s fila/s de la matriz original y estén situados sobre la última columna de la matriz original. Una vez colocado el bloque de esta manera, se desechan las filas inferiores y columnas por la derecha de la matriz ampliada que quedan fuera del límite marcado por los extremos inferior y derecho del bloque respectivamente.

Una vez se dispone de esta matriz ampliada ya sólo queda obtener las componentes espectrales según el método del bloque deslizante. Este proceso se lleva a cabo recorriendo la matriz ampliada comenzando desde la esquina superior izquierda y avanzando de arriba a abajo y de izquierda a derecha, hasta llegar a la esquina inferior derecha. Los desplazamientos verticales se llevan a cabo en saltos de AF en AF mientras que los horizontales son de uno en uno.

Este proceso ha de llevarse a cabo para cada una de las N_c subimágenes obtenidas por cada una de las bobinas receptoras empleando el conjunto de coeficientes C_{ij} para la reconstrucción pertinente. La componente frecuencial que se genera en cada salto se corresponde con la de la subimagen i -ésima que cae bajo el círculo que contiene el número j correspondiente. El cero que había es sustituido por su nuevo valor, que es el resultado de la combinación lineal de los coeficientes C_{ij} con los valores de las componentes frecuenciales adquiridas que caen bajo los cuadros rellenos de negro.

Una vez se ha llevado a cabo el barrido para cada i y j comprendidos entre 1 y N_c y 1 y $AF - 1$ respectivamente, se eliminan los márgenes que fueron añadidos para poder llevar a cabo el mecanismo de bloque deslizante con lo que se obtiene como resultado la matriz original dónde las filas rellenas con ceros han quedado sustituidas por los valores que se han ido calculando a lo largo del proceso.

Por último y de manera configurable, se puede optar por incluir las líneas ACS en sus posiciones correspondientes en vez de las líneas generadas por el método. De esta manera se obtiene una mejora en la imagen final reconstruida para cuya obtención basta con aplicar una Transformada Inversa de Fourier Bidimensional a cada una de las subimágenes y combinarlas por medio de una simple suma de cuadrados.

Llegados a este punto ya se dispone de una implementación del método GRAPPA original que permite introducir modificaciones en cualquier parte del proceso de manera sencilla.

3.2.3 MODIFICACIONES AL MÉTODO GRAPPA ORIGINAL IMPLEMENTADO

Como se acaba de mostrar, GRAPPA reconstruye las codificaciones de fase no realizadas a partir de una combinación lineal de componentes espectrales adquiridas según un conjunto de coeficientes precalculados como solución a un sistema sobredeterminado construido a partir de las líneas ACS.

Las modificaciones que a continuación se describen van en la línea de modificar el proceso de obtención de dichos coeficientes. Es decir se introducirán modificaciones en los sistemas:

$$[A] \bullet [C_{ij}] = [B_{ij}] \quad (3.2)$$

Adición de ruido gaussiano a las líneas ACS

Esta modificación se realiza sobre la matriz de líneas ACS ampliada antes de generar los sistemas de ecuaciones. Sólo afecta a la generación de los coeficientes para la reconstrucción puesto que las líneas ACS que se añaden al final del proceso, antes de la combinación, son las líneas ACS originales inalteradas.

Con ella lo que se pretende es *gaussianizar* los datos y con ello obtener errores cuadráticos medios menores con los coeficientes de esta manera obtenidos.

La manera de implementar esta modificación en el script desarrollado de nuevo es muy sencilla. La potencia del ruido a generar (σ^2) se obtiene de manera relativa como un porcentaje sobre la potencia media (P_m) de las líneas ACS de la siguiente manera:

$$\sigma^2 = pct \frac{P_m}{2} \quad (3.3)$$

donde *pct* establece la relación de proporcionalidad entre ambas potencias y el motivo de dividirlo entre dos se debe a que el ruido se añadirá en el dominio K y por tanto será complejo. Por otro lado la potencia media contenida en las líneas ACS se calcula de la manera descrita en la siguiente ecuación:

$$P_m = \frac{\sum |c_n|^2}{N} \quad (3.4)$$

donde c_n es cada componente de la matriz de líneas ACS ampliada y N el número total de elementos de la misma.

Una vez calculada la potencia del ruido, se genera una distribución gaussiana de media nula y desviación típica σ de las mismas dimensiones que la matriz de líneas ACS ampliada que será añadida a la misma.

El resto del proceso se continua de la manera original y como ya se ha dicho, las líneas ACS que se pueden incluir al final del proceso, son las originales, es decir, sin incluir el ruido gaussiano generado de la manera descrita.

Discriminar las ecuaciones que se corresponden con el ajuste a una componente espectral dentro de una ventana rectangular entorno a la componente continua.

En principio puede parecer que esta modificación es contraproducente puesto que reduce el número de ecuaciones que se tiene en los sistemas sobredeterminados con lo que el ajuste al tener menos muestras puede parecer menos óptimo. Sin embargo con esta modificación se pretende verificar la hipótesis de que las componentes espectrales en un entorno cercano a la componente continua son muy diferentes del resto de las componentes espectrales de la imagen de FOV completa. La justificación de la introducción de esta modificación como posible mejora es inmediata sin más que recordar que GRAPPA permite la adición de las líneas ACS para la reconstrucción de la imagen final de FOV completa.

La solución de un sistema por mínimos cuadrados da lugar como resultado a los coeficientes que minimizan el error cuadrático medio cometido en las componentes $[B_{ij}]$ aproximadas. Por tanto la pregunta que se plantea es ¿por qué se ha de hacer que los coeficientes tengan un valor que minimice los errores cometidos tanto en las componentes espectrales cercanas a la componente continua como las más alejadas? Sí las componentes de asociadas a bajas frecuencias realmente presentan un comportamiento diferente del resto ¿por qué tenerlas en cuenta si finalmente se van a incluir con las líneas ACS antes de llevar a cabo las transformadas inversas de Fourier?

No tener en cuenta las componentes espectrales en un entorno de la componente continua puede dar lugar a que los coeficientes obtenidos para llevar a cabo la reconstrucción sean más óptimos pues parece que las similitudes que comparten el resto de componentes de las líneas ACS con las codificaciones en fase que no se han realizado son en principio mayores.

La manera de implementar esta modificación en el script desarrollado es muy sencilla. Basta con definir una máscara que en la práctica se traduce en una matriz bidimensional booleana. Las dimensiones de la misma son tales que, tiene tantas filas y columnas como amplitud tiene el desplazamiento vertical y horizontal respectivamente, que se lleva a cabo en el mecanismo de bloque deslizante.

Los elementos de esta matriz son inicializados a valor 1 y se identifica el elemento de referencia de la matriz que se corresponderá con el desplazamiento en el que el bloque de lugar a la ecuación de ajuste a la componente continua. Una vez hecho esto, se han de anular los elementos de la matriz que caigan dentro del rectángulo que se crea haciendo uso de cuatro valores proporcionados en la llamada al script y que especifican el desplazamiento a izquierda, derecha, abajo y arriba respectivamente tomando de punto de partida el elemento de referencia. Por tanto el tamaño de la ventana generada es configurable de manera muy flexible lo que es muy útil de cara a realizar experimentos.

Una vez se dispone de la máscara la forma de emplearla es muy sencilla. Al tiempo que se va recorriendo la matriz de líneas ACS ampliada para ir generando cada una de las ecuaciones de los sistemas, hay que ir realizando de manera paralela los mismos desplazamientos dentro de esta máscara condicionando la manera en que se generan los sistemas de la siguiente manera:

- Si el elemento de la máscara en la posición correspondiente vale la unidad, la ecuación se añade al sistema del mismo modo que se hacía antes.
- En cambio, si dicho elemento tiene valor nulo, en vez de escribirse la fila en la matriz $[A]$ y el elemento en el vector $[B_{ij}]$ lo que se hace es rellenarlos con ceros. Ésta es la manera de eliminar la influencia de un ajuste a la hora de obtener los coeficientes. Sencilla, transparente y compatible con el script desarrollado hasta el momento.

Discriminación de ecuaciones empleando un método estadístico.

Esta modificación es similar a la descrita anteriormente. Consiste en discriminar de nuevo ecuaciones que en principio puedan introducir desviaciones en los coeficientes respecto de su valor más óptimo.

La manera de implementar esta modificación en el script original es muy similar de nuevo haciendo uso de una máscara. El proceso de inicialización de la misma es idéntico. Se trata de una matriz bidimensional booleana y sus dimensiones son tales que, tiene tantas filas y columnas como amplitud tiene el desplazamiento vertical y horizontal respectivamente, que se lleva a cabo en el mecanismo de bloque deslizante. Los elementos de esta matriz son inicializados a valor 1 y se identifica el elemento de referencia de la matriz que se corresponderá con el desplazamiento en el que el bloque de lugar a la ecuación de ajuste a la componente continua.

La diferencia de esta modificación respecto de la anterior reside en como se identifican los elementos de la máscara que serán establecidos a un valor nulo. Para ello, primero se define un bloque de promediado que tiene las mismas dimensiones que el bloque de reconstrucción. Después según un mecanismo de bloque deslizante como el ya comentado, se va calculando el valor promedio de todas las componentes que quedan comprendidas dentro del bloque de promediado. Cada una de estas medias se va almacenando ordenadamente en una matriz que tiene las mismas dimensiones que la máscara. La posición en que se almacena, viene determinada por el desplazamiento que hace el bloque. Hay que notar que tanto esta matriz de medias, como la máscara, tienen tantos elementos como desplazamientos se hace en el mecanismo de bloque deslizante. El siguiente paso consiste en calcular la media de todos los elementos de la matriz de medias μ así como su desviación típica σ_μ sin tener en cuenta aquellos que queden contenidos dentro del cuadrado que centrado en la componente continua abarque tantas columnas como filas tenga la matriz de medias. Llegados a este punto ya se puede llevar a cabo la discriminación en base a un estudio poblacional. Para ello se mira para cada elemento de la matriz de medias la probabilidad de que éste forme parte de la población de interés haciendo uso de la siguiente comparación:

$$|\mu_n| > |\mu| + 1,96 \cdot \sigma_\mu \quad (3.5)$$

Si la condición es cierta, quiere decir que ese promediado no es adecuado y que por tanto la ecuación de ajuste asociada ha de ser descartada. Esto se lleva a cabo estableciendo a valor nulo el elemento correspondiente de la máscara.

Una vez se dispone de la máscara la forma de emplearla es idéntica a la de la modificación anterior. Al tiempo que se va recorriendo la matriz de líneas ACS ampliada para ir generando cada una de las ecuaciones de los sistemas, hay que ir realizando de manera paralela los mismos desplazamientos dentro de esta máscara condicionando la manera en que se generan los sistemas de la siguiente manera:

- Si el elemento de la máscara en la posición correspondiente vale la unidad, la ecuación se añade al sistema del mismo modo que se hacía antes.
- En cambio, si dicho elemento tiene valor nulo, en vez de escribirse la fila en la matriz $[A]$ y el elemento en el vector $[B_{ij}]$ lo que se hace es rellenarlos con ceros. Ésta es la manera de eliminar la influencia de un ajuste a la hora de obtener los coeficientes. Sencilla, transparente y compatible con el script desarrollado hasta el momento.

EXPERIMENTACIÓN Y RESULTADOS

A lo largo de esta sección se describen los experimentos realizados haciendo uso de las modificaciones al método original GRAPPA anteriormente descritas. Cada experimento consiste en la ejecución de los scripts desarrollados definiendo el valor de sus argumentos de manera que se pruebe el método con la modificación o conjunto de modificaciones deseadas en cada caso. Del mismo modo, se llevan a cabo ejecuciones del script desarrollado por Scott Hoge que implementa el método original de manera optimizada con el fin de comparar tanto cualitativa como cuantitativamente las reconstrucciones empleando las modificaciones diseñadas.

Por otra parte como curiosidad, y para poder comparar respecto lo que se considera que es el peor caso para una reconstrucción determinada, se obtiene la imagen que resulta de disponer las líneas espectrales adquiridas en su posición correspondiente dentro de cada subimagen incluyendo también las líneas ACS y rellenando con ceros las líneas no adquiridas.

En las tablas y figuras que se muestran a lo largo de esta sección, se muestran las diferencias obtenidas aplicando el método de reconstrucción con las modificaciones pertinentemente respecto de la imagen de referencia mostrada en la figura 4.1. Se recuerda que es la obtenida al aplicar la transformada inversa de Fourier a cada una de las subimágenes en el espacio K para posteriormente combinarlas empleando una suma de cuadrados.

4.1 RESULTADOS DE LA ADICIÓN DE RUIDO GAUSSIANO

Para la realización de este experimento, se ha partido de la información en el espacio K resultante de una adquisición pMRI acelerada sobre los datos del fichero cabezascott.mat con los siguientes parámetros:

- Tamaño de la FOV completa: 256x256
- Factor de aceleración: 3
- Número de líneas ACS: 32

Dando lugar a un factor de aceleración efectivo de 2.37 (es menor que el AF de la adquisición por el coste que supone adquirir las líneas ACS)

A partir de dicha información, se han generado una serie de reconstrucciones, dónde se ha empleado el método GRAPPA original con un tamaño de bloque de 3x2 únicamente con la modificación de añadir ruido gaussiano a las líneas ACS variando el porcentaje de potencia del ruido entre 0 y 100 en saltos de 5 en 5.

El valor de los indicadores para estas reconstrucciones queda recogido en la tabla 4.1 dónde hay que tener en cuenta que la primera línea se corresponde con el método original ya que añadir un ruido con potencia nula es lo mismo que no incluirlo. De la observación de esta tabla se descubre lo siguiente:

- La adición de una pequeña cantidad de ruido hace que el MSE disminuya de una manera importante. Para el caso de un 5 por ciento el MSE se ve reducido de una manera importante al tiempo que el SSIM y el QLIV aumentan de valor aproximándose a la unidad.
- A medida que el ruido añadido tiene una potencia mayor, el MSE se va degradando paulatinamente mientras que el indicador QLIV comienza a decrecer.

Por otra parte de una manera más cualitativa, se pueden ver los resultados de las imágenes reconstruidas para tres porcentajes de potencia escogidos estratégicamente. En la figura 4.2a se muestra el resultado del método GRAPPA original ya que se corresponde con la adición de un ruido de potencia 0, dónde se puede observar un cierto ruido en la zona central de la imagen. En cambio en la figura 4.2b, dónde se ha añadido un ruido con una potencia igual al 5 por ciento de la potencia media, éste ruido central es mucho menor percibiéndose una imagen con mayor nitidez. Fijándose en la figura 4.2c, correspondiente a una potencia de ruido del 100 por ciento, se ve como los efectos de aliasing se hacen patentes motivo por el cual cae tan drásticamente el indicador QLIV. Por

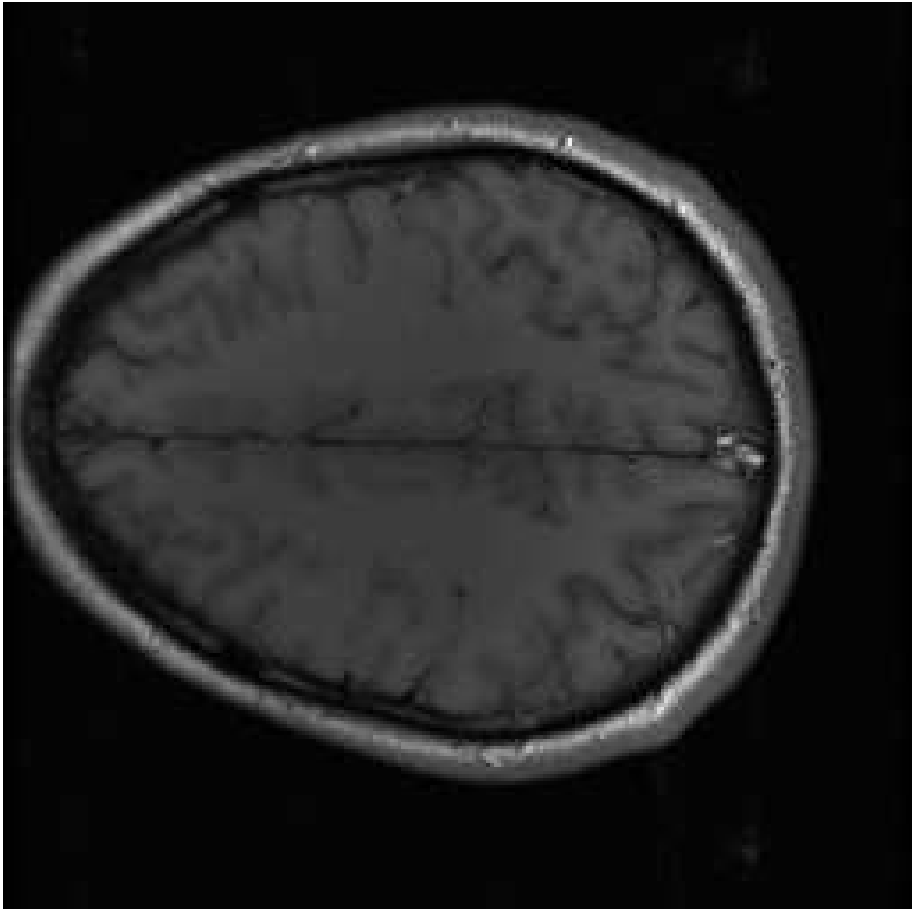


FIGURA 4.1: Imagen de referencia

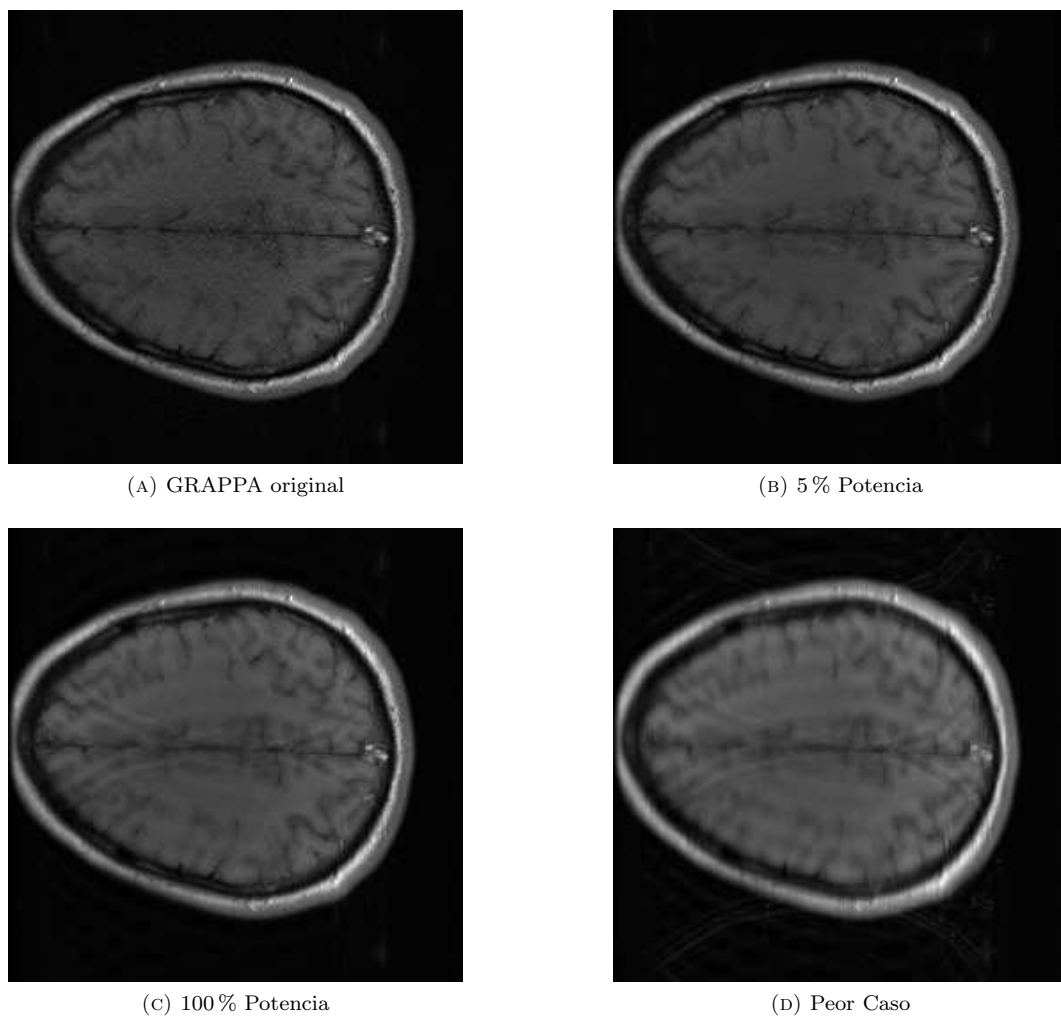


FIGURA 4.2: Comparativa para el método GRAPPA añadiendo ruido

Porcentaje Potencia	MIN ERROR	MAX ERROR	MSE	SSIM	QILV
0	0.0000	23.4066	3.5094	0.8973	0.9959
5	0.0000	15.6868	2.1830	0.9628	0.9967
10	0.0000	19.2362	2.1756	0.9671	0.9920
15	0.0000	21.4482	2.2066	0.9690	0.9882
20	0.0000	23.5483	2.3153	0.9690	0.9833
25	0.0001	25.8443	2.3622	0.9694	0.9797
30	0.0000	26.5468	2.4601	0.9689	0.9748
35	0.0000	28.2847	2.5586	0.9684	0.9698
40	0.0000	29.1994	2.6038	0.9681	0.9672
45	0.0000	30.4978	2.6728	0.9675	0.9636
50	0.0000	30.8544	2.7412	0.9668	0.9603
55	0.0000	30.7782	2.7931	0.9664	0.9578
60	0.0000	32.4250	2.8728	0.9657	0.9531
65	0.0000	33.2339	2.9052	0.9658	0.9497
70	0.0000	34.1860	2.9732	0.9651	0.9461
75	0.0000	35.0469	3.0523	0.9639	0.9423
80	0.0000	35.9427	3.0826	0.9632	0.9405
85	0.0000	35.5859	3.0855	0.9638	0.9389
90	0.0000	37.6670	3.1894	0.9623	0.9340
95	0.0000	37.7284	3.1923	0.9627	0.9318
100	0.0000	37.6327	3.2464	0.9619	0.9296
Peor caso	0.0000	71.0806	6.1015	0.9005	0.7279

CUADRO 4.1: Resultados aplicando la modificación de adición de ruido gaussiano

último en la figura 4.2d, se muestra la imagen correspondiente al peor caso, es decir aquel donde las líneas no adquiridas se completan con ceros.

En base a estos resultados parece que la adición de un pequeño ruido gaussiano ayuda a que los coeficientes obtenidos en la reconstrucción sean más óptimos hecho que puede atribuirse a una distribución más gaussianizada de los elementos empleados en los sistemas a resolver. En cambio si este ruido es de una magnitud mayor, se observa un efecto adverso. Esto es debido a que un ruido de semejante magnitud modifica las componentes de las líneas ACS de manera muy significativa haciendo que el ajuste sea completamente inapropiado tanto peor cuanto más se aproxime su magnitud a la de las componentes en una corona en torno a la componente continua.

4.2 RESULTADOS DE LA DISCRIMINACIÓN PREFIJADA

Para la realización del experimento, se ha partido de la información en el espacio K resultante de dos adquisiciones pMRI aceleradas sobre los datos del fichero cabezascott.mat con los siguientes parámetros:

- Tamaño de la FOV completa: 256x256
- Factor de aceleración: 3
- Número de líneas ACS: 32 y 16

Dando lugar a un factor de aceleración efectivo de 2.37 para la primera y 2.67 para la segunda, algo mayor para esta última como es de esperar dado que el número de líneas ACS adquirido es menor.

A partir de dicha información, se han generado una serie de reconstrucciones, dónde se ha empleado el método GRAPPA original con un tamaño de bloque de 3x2 únicamente con la modificación de discriminar las ecuaciones que ajustan a componentes espectrales que caen dentro de la ventana de discriminación. La ventana que se define es cuadrada donde la distancia a sus lados desde su centro se va incrementando de unidad en unidad partiendo de su no existencia hasta el valor máximo permitido por el número de líneas ACS adquiridas.

El valor de los indicadores para las reconstrucciones sobre la primera adquisición, queda recogido en la tabla 4.2 dónde de nuevo hay que tener en cuenta que la primera línea se corresponde con el método original ya que ahí no se usa ventana. De la observación de esta tabla se descubre lo siguiente:

- A medida que se va aumentando el tamaño de la ventana se va viendo una mejora paulatina en los indicadores. Esto es, el MSE va disminuyendo al tiempo que el SSIM aumenta. Hay que notar que el indicador

Ventana	Nº Ecuaciones	MIN ERROR	MAX ERROR	MSE	SSIM	QILV
N/A	8192	0.0000	23.4066	3.5094	0.8973	0.9959
0	8191	0.0000	20.7191	3.0721	0.9188	0.9983
1	8183	0.0001	22.5537	2.8754	0.9281	0.9986
2	8167	0.0001	23.0806	2.7056	0.9350	0.9989
3	8143	0.0000	19.8617	2.5061	0.9430	0.9992
4	8111	0.0000	16.8699	2.2391	0.9563	0.9991
5	8071	0.0000	16.1147	2.1703	0.9590	0.9990
6	8023	0.0000	15.5943	2.1409	0.9599	0.9991
7	7967	0.0000	15.2473	2.0671	0.9628	0.9991
8	7903	0.0000	14.7502	2.0011	0.9653	0.9992
9	7831	0.0001	14.8060	1.9685	0.9664	0.9992
10	7751	0.0000	14.9028	1.9410	0.9674	0.9992
11	7663	0.0000	15.1416	1.8955	0.9691	0.9992
12	7567	0.0000	15.5153	1.8541	0.9706	0.9990
13	7463	0.0000	15.5011	1.8168	0.9721	0.9988
14	7351	0.0000	16.5815	1.8055	0.9734	0.9979
15	7231	0.0001	18.1823	1.9361	0.9724	0.9934
16	7136	0.0000	19.1242	2.0564	0.9736	0.9867
Peor caso	N/A	0.0000	71.0806	6.1015	0.9005	0.7279

CUADRO 4.2: Resultados aplicando la modificación de discriminación prefijada con 32 líneas ACS

QILV se mantiene a un valor elevado y que casi se ve inalterado debido a que esta modificación lo que consigue es eliminar el ruido existente en la zona central de la imagen siendo el ruido puntual poco penalizado en esta medida.

- A medida que aumenta el tamaño de la ventana disminuye el número de ecuaciones por sistema tenidas en cuenta hecho que como se puede ver tiene un balance global beneficioso.
- Para tamaños de ventana muy elevados se ve que los indicadores comienzan a degradarse de nuevo. Esto se debe a que la ventana está discriminando componentes demasiado cercanas a la región comprendida en la banda central del espacio K limitante con las líneas ACS. Dada su proximidad serán de una naturaleza muy similar y no tenerlas en cuenta da lugar a coeficientes con un peor ajuste a esta región tan importante que se identificó contemplando los resultados de la figura 3.4.

De nuevo y de una manera más cualitativa, se pueden ver los resultados de las imágenes reconstruidas para tres tamaños de ventana escogidos estratégicamente. En la figura 4.3a se muestra el resultado del método GRAPPA original, ya que se corresponde con la reconstrucción sin emplear ventana, dónde se puede observar un cierto ruido en la zona central de la imagen. En cambio en la figura 4.3b, dónde se ha empleado una ventana cuadrada de lado 27 ($13 \cdot 2 + 1$), se observa como este ruido central ha desaparecido prácticamente percibiéndose una imagen de mucha más calidad. Sin embargo para una ventana demasiado grande como la figura 4.3c, que tiene 33 de lado, se ve como pequeños efectos de aliasing aparecen en el fondo de la imagen así como también ligeramente en el centro. Este es el motivo de que el indicador QILV decaiga ligeramente. Por último en la figura 4.3d, se muestra la imagen correspondiente al peor caso, es decir aquel donde las líneas no adquiridas se completan con ceros.

Vista la calidad de la imagen reconstruida, se va a proceder a realizar el mismo análisis para la segunda adquisición, aquella que cuenta con tan solo 16 líneas ACS.

El valor de los indicadores para las reconstrucciones sobre la segunda adquisición, queda recogido en la tabla 4.3 dónde de nuevo hay que tener en cuenta que la primera línea se corresponde con el método original ya que ahí no se usa ventana. De la observación de esta tabla y comparándola con la anterior, se descubre lo siguiente:

- El comportamiento de variación de los indicadores a medida que varía el tamaño de la ventana es similar. Mejoran a media que el tamaño de la ventana aumenta hasta llegar a valores donde se empiecen a discriminar ajustes a componentes cercanas a la frontera delimitada por las líneas ACS.
- El número de ecuaciones en cada sistema se ha visto reducido a casi la mitad, puesto que lo mismo ha sucedido con el número de líneas ACS.
- El MSE para esta segunda adquisición sin emplear ventana, es en torno a un punto mayor que para la primera mientras que comparando este mismo indicador para el tamaño de ventana óptimo para cada una de las reconstrucciones se ve que la diferencia es tan solo de medio punto.

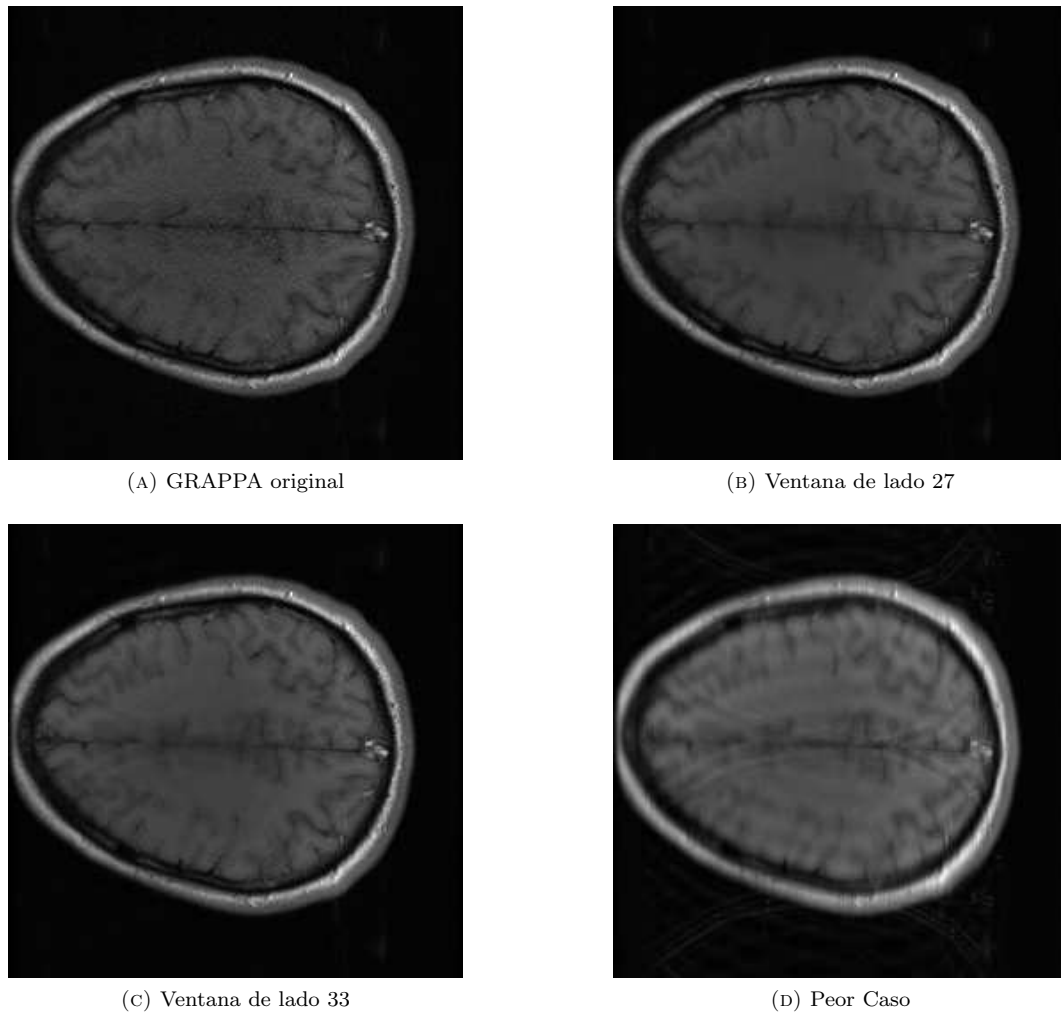


FIGURA 4.3: Comparativa para el método GRAPPA con discriminación de ecuaciones prefijada con 32 líneas ACS

Ventana	Nº Ecuaciones	MIN ERROR	MAX ERROR	MSE	SSIM	QILV
N/A	3584	0.0000	26.9613	4.4417	0.8499	0.9896
0	3583	0.0000	22.6808	3.6496	0.8923	0.9971
1	3575	0.0000	21.9952	3.2316	0.9168	0.9961
2	3559	0.0001	22.8411	3.1982	0.9206	0.9949
3	3535	0.0000	22.9311	2.9432	0.9338	0.9950
4	3503	0.0000	20.5857	2.4273	0.9520	0.9988
5	3463	0.0000	19.8770	2.3273	0.9574	0.9988
6	3415	0.0000	23.0964	2.5805	0.9590	0.9938
7	3374	0.0000	24.0289	2.9077	0.9600	0.9787
Peor caso	N/A	0.0000	115.1437	11.7533	0.8013	0.2602

CUADRO 4.3: Resultados aplicando la modificación de discriminación prefijada con 16 líneas ACS

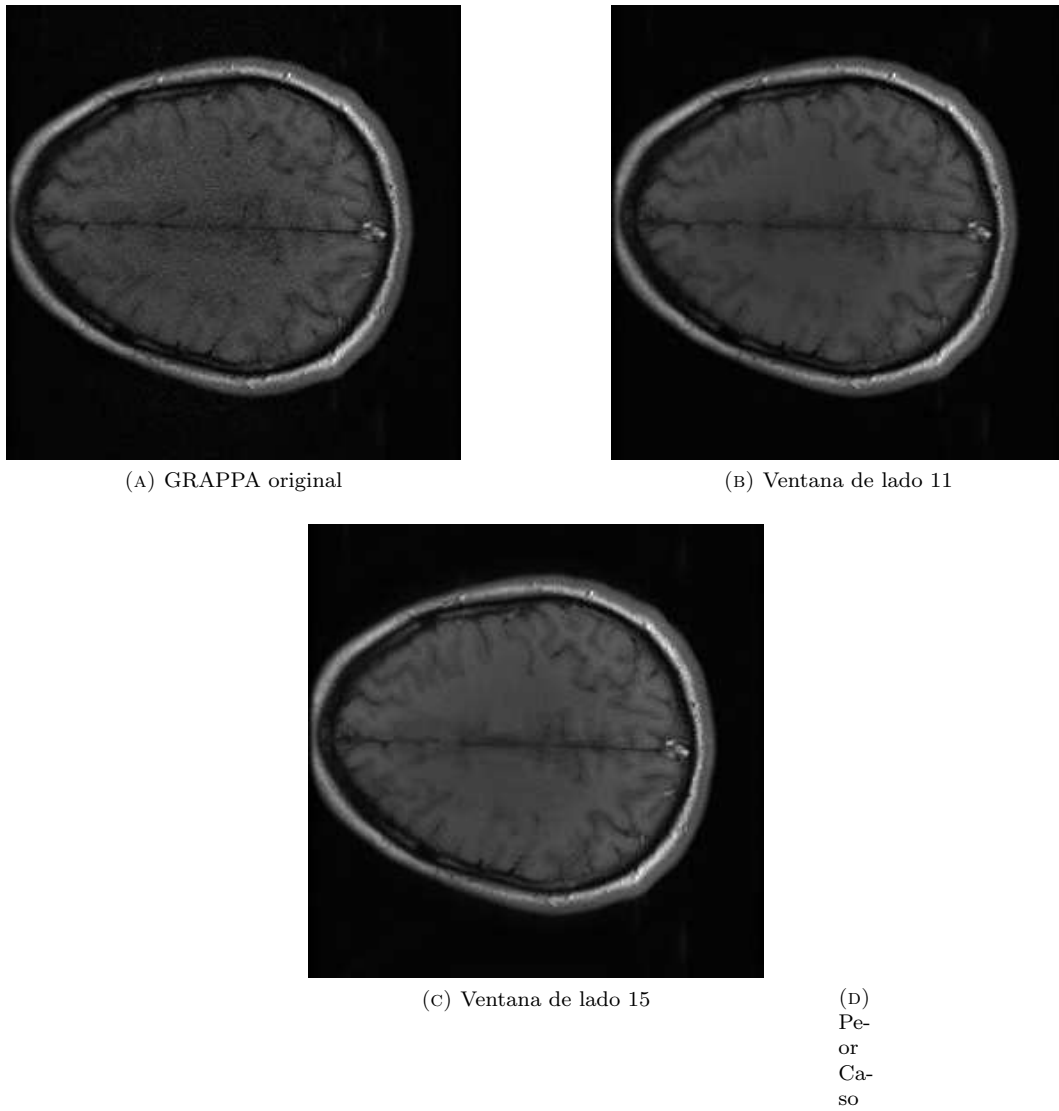


FIGURA 4.4: Comparativa para el método GRAPPA con discriminación de ecuaciones prefijada con 16 líneas ACS



FIGURA 4.5: Máscaras obtenidas con la discriminación estadística

De nuevo y de una manera más cualitativa, se pueden ver los resultados de las imágenes reconstruidas para tres tamaños de ventana escogidos estratégicamente. En la figura 4.4a se muestra el resultado del método GRAPPA original, ya que se corresponde con la reconstrucción sin emplear ventana, dónde se puede observar que el ruido de la zona central de la imagen es incluso mayor que en el primer caso. En cambio en la figura 4.4b, dónde se ha empleado una ventana cuadrada de lado 11 ($5 \cdot 2 + 1$), se observa como este ruido central ha desaparecido prácticamente percibiéndose una imagen de calidad similar a la del caso óptimo de la anterior adquisición. De nuevo, para una ventana de lado similar al número de líneas ACS, aparecen pequeños efectos de aliasing tanto en el fondo de la imagen como ligeramente en el centro de la misma tal como se puede observar en la figura 4.4c, de nuevo motivo del ligero decaimiento del indicador QILV. Por último en la figura 4.4d, se muestra la imagen correspondiente al peor caso, dónde el empleo de la mitad de líneas ACS hace que la imagen mostrada este incluso aún más distorsionada.

En base a los resultados obtenidos con las reconstrucciones para ambas adquisiciones, se puede afirmar que la discriminación de las ecuaciones correspondientes a ajustes a componentes cercanas a la componente continua es beneficioso a la hora de obtener los coeficientes para la reconstrucción a pesar de estar resolviendo sistemas con un grado de sobredeterminación menor. Del mismo modo hay que prestar especial atención a los ajustes de componentes cercanas al borde central de las líneas ACS cuyo descarte conlleva efectos adversos en la calidad de la imagen reconstruida. Esta modificación añade una mejora sustancial respecto del método original más notable cuantas menos líneas ACS se tengan en cuenta.

4.3 RESULTADOS DE LA DISCRIMINACIÓN ESTADÍSTICA

Para la realización del experimento, se ha partido de nuevo de la información en el espacio K resultante de dos adquisiciones pMRI aceleradas sobre los datos del fichero cabezascott.mat con los siguientes parámetros:

- Tamaño de la FOV completa: 256x256
- Factor de aceleración: 3
- Número de líneas ACS: 32 y 16

Dando lugar a un factor de aceleración efectivo de 2.37 para la primera y 2.67 para la segunda, algo mayor para esta última como es de esperar dado que el número de líneas ACS adquirido es menor.

A partir de dicha información, se han generado una serie de reconstrucciones, dónde se ha empleado el método GRAPPA original con un tamaño de bloque de 3×2 únicamente con la modificación de discriminar las ecuaciones según un método estadístico donde se ha ido variando el margen de discriminación paulatinamente desde un valor mínimo hasta cuatro veces la desviación típica de los promedios.

Como se ha descrito, este método está basado en la discriminación según un criterio de promedios y por ello en este caso la máscara ya no será una ventana perfecta. En la figura 4.5 se puede ver el aspecto de las máscaras que se aplican a la hora de generar los sistemas para las dos adquisiciones anteriormente descritas donde varía el número de líneas ACS y se toma como límite dos veces la desviación típica de los promedios. La forma

Desviación	Nº Ecuaciones	MIN ERROR	MAX ERROR	MSE	SSIM	QILV
0	80	0.0001	30.1894	3.2348	0.9359	0.9751
0.2000	3046	0.0000	24.3415	2.4012	0.9697	0.9747
0.4000	4810	0.0001	19.4542	2.1488	0.9720	0.9844
0.6000	5344	0.0000	18.8426	2.0523	0.9731	0.9876
0.8000	5584	0.0000	18.4165	2.0133	0.9734	0.9889
1.0000	5770	0.0000	18.8261	1.9773	0.9732	0.9917
1.2000	5944	0.0000	19.8493	1.9181	0.9729	0.9951
1.4000	6112	0.0000	19.5088	1.8939	0.9733	0.9953
1.6000	6262	0.0000	19.1107	1.8277	0.9737	0.9972
1.8000	6383	0.0000	18.6765	1.8095	0.9738	0.9975
2.0000	6507	0.0000	18.1255	1.7995	0.9736	0.9983
2.2000	6604	0.0000	17.9897	1.7997	0.9735	0.9984
2.4000	6679	0.0000	17.5204	1.8045	0.9729	0.9986
2.6000	6735	0.0000	17.2813	1.8047	0.9727	0.9987
2.8000	6812	0.0001	16.7934	1.8191	0.9722	0.9988
3.0000	6878	0.0000	16.4209	1.8321	0.9717	0.9989
3.2000	6931	0.0000	16.1326	1.8366	0.9714	0.9989
3.4000	6958	0.0000	16.0453	1.8478	0.9711	0.9989
3.6000	7002	0.0000	15.8902	1.8499	0.9709	0.9989
3.8000	7044	0.0000	15.9076	1.8545	0.9708	0.9989
4.0000	7083	0.0000	15.9158	1.8748	0.9701	0.9989
Peor caso	N/A	0.0000	71.0806	6.1015	0.9005	0.7279

CUADRO 4.4: Resultados aplicando la modificación de discriminación estadística para 32 líneas ACS

de interpretarlas es la siguiente: Los recuadros negros se corresponden con ajustes descartados mientras que los cuadros blancos representan los sí tenidos en cuenta. En base a esta interpretación, se comprueba que con esta modificación de nuevo se obvian los ajustes a componentes muy cercanas a la componente continua pero en este caso hay que notar que esporádicamente, aparecen regiones no tan cerca de ella que en la modificación anterior se descartaban pero que aquí sí se tienen en cuenta.

El valor de los indicadores para las reconstrucciones de la adquisición con 32 líneas ACS, queda recogido en la tabla 4.4. De la observación de dicha tabla, se observa lo siguiente:

- A medida que el valor máximo de desviación permitido respecto de la media aumenta el número de ecuaciones implicadas en el ajuste también lo hace como no podía ser de otra manera.
- Atendiendo a la influencia del valor de desviación se comprueba como a medida que el margen aumenta, los indicadores van mejorando paulatinamente. Este comportamiento se mantiene hasta aproximadamente un valor de 2, dónde la situación cambia obteniéndose cada vez un resultado peor.

Hay que recordar que permitir una desviación de dos veces la desviación típica de la media en una distribución gaussiana, se corresponde con descartar ajustes que pertenecerían a la distribución generada con un 5 % de probabilidad valor que concuerda con los criterios de confianza de métodos estadísticos para discernir si determinados miembros pertenecen a una población o no.

A continuación y como en anteriores experimentos, en la figura 4.6 se pueden ver los resultados de una manera más cualitativa sin mas que observar las imágenes reconstruidas ahí mostradas. En la figura 4.6a se muestra el resultado del método GRAPPA donde se discriminan todas aquellas ecuaciones de ajuste que tienen un promedio asociado superior a la media. Ello provoca que se desechen demasiados ajustes con una contribución esencial para la obtención de los coeficientes de reconstrucción dando lugar a la aparición de notables efectos de aliasing. En cambio en la figura 4.6b, que como se ha podido comprobar en las tablas de datos se corresponde con la desviación óptima, se observa una imagen casi idéntica a la tomada de referencia debido a que en este caso ya si se toman las ecuaciones asociadas a los ajustes de mayor peso a la hora de obtener ese valor más óptimo para los coeficientes. Por otra parte, en la figura 4.6c que aunque siendo muy similar a la anterior, ya empieza a hacerse patente la aparición del ruido que se da en la zona central de la imagen cuando se emplea el método GRAPPA original. Era de esperar puesto que cuanto mayor es la desviación permitida, menos ajustes se descartan a la hora de obtener los coeficientes y por tanto más se acerca el resultado al obtenido con el método original. Por último, en la figura 4.6d se vuelve a mostrar el peor caso para una adquisición con 32 líneas ACS.

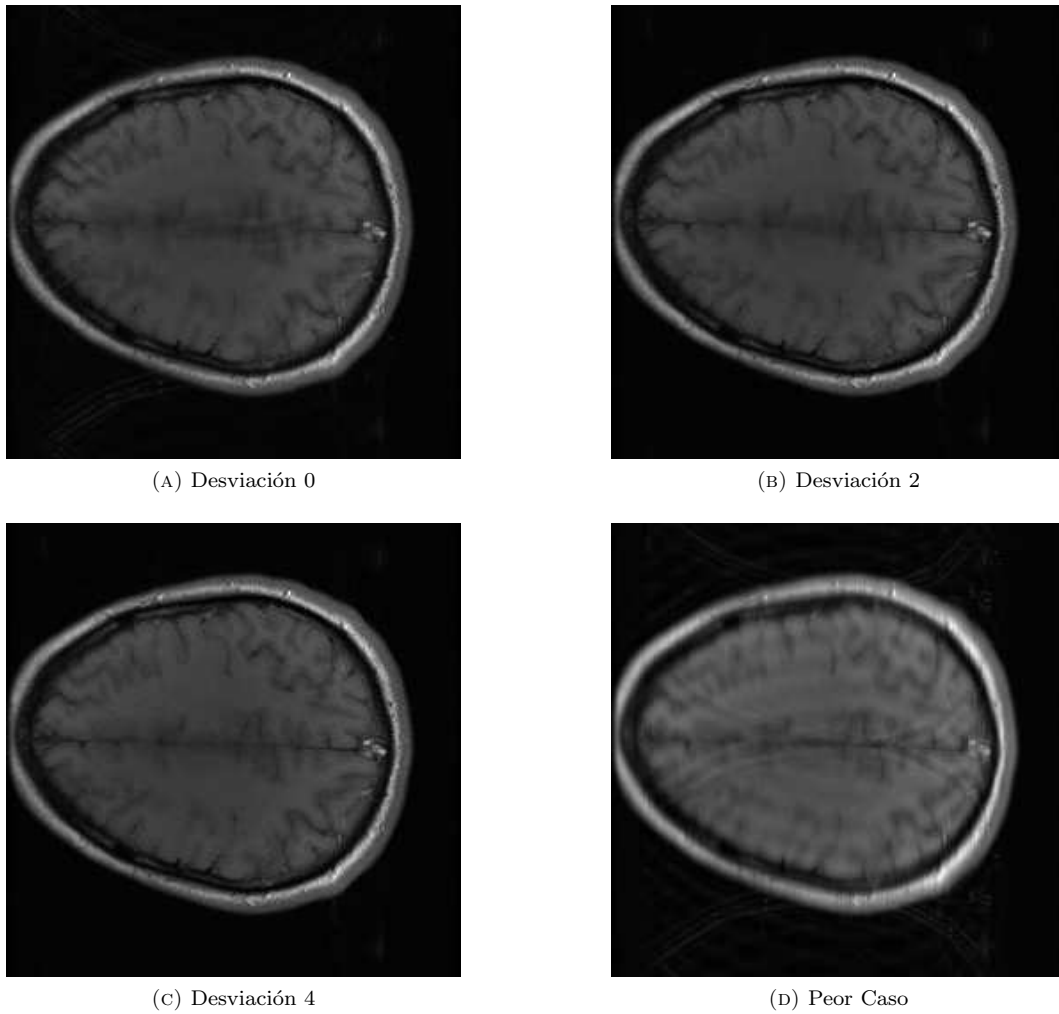


FIGURA 4.6: Comparativa para el método GRAPPA con discriminación estadística con 32 líneas ACS

Desviación	Nº Ecuaciones	MIN ERROR	MAX ERROR	MSE	SSIM	QILV
0	332	0.0000	58.3379	4.9886	0.9347	0.8821
0.2000	2239	0.0001	43.3572	4.2835	0.9502	0.8977
0.4000	2482	0.0000	31.3421	3.5337	0.9565	0.9424
0.6000	2635	0.0001	28.2808	2.8961	0.9628	0.9713
0.8000	2757	0.0001	26.5002	2.8978	0.9628	0.9722
1.0000	2825	0.0001	25.9767	2.9851	0.9621	0.9691
1.2000	2871	0.0000	28.0525	2.9823	0.9615	0.9707
1.4000	2886	0.0000	26.7811	2.9564	0.9615	0.9723
1.6000	2919	0.0000	26.6942	2.9563	0.9612	0.9754
1.8000	2945	0.0000	20.6854	2.5238	0.9635	0.9885
2.0000	2970	0.0001	19.9136	2.4997	0.9632	0.9893
2.2000	3008	0.0000	18.7978	2.3658	0.9599	0.9956
2.4000	3039	0.0001	20.2101	2.5961	0.9517	0.9949
2.6000	3058	0.0000	20.3265	2.6171	0.9505	0.9948
2.8000	3068	0.0001	20.2541	2.6169	0.9501	0.9951
3.0000	3079	0.0001	23.0383	2.9242	0.9451	0.9898
3.2000	3086	0.0000	23.0652	2.9151	0.9448	0.9900
3.4000	3090	0.0000	22.5351	3.0310	0.9413	0.9874
3.6000	3099	0.0000	22.0550	2.9706	0.9415	0.9882
3.8000	3108	0.0000	21.8691	2.9494	0.9411	0.9893
4.0000	3120	0.0000	21.5593	2.9287	0.9410	0.9909
Peor caso	N/A	0.0000	115.1437	11.7533	0.8013	0.2602

CUADRO 4.5: Resultados aplicando la modificación de discriminación estadística para 16 líneas ACS

Un resultado similar se obtiene para la adquisición con 16 líneas ACS. Los indicadores y parámetros para dichas reconstrucciones quedan recogidos en la tabla 4.5 observándose de nuevo que:

- A medida que el valor máximo de desviación permitido respecto de la media aumenta el número de ecuaciones implicadas en el ajuste también lo hace.
- Atendiendo a la influencia del valor de desviación se comprueba como a medida que el margen aumenta, los indicadores van mejorando paulatinamente. Este comportamiento se mantiene de nuevo hasta aproximadamente ese mismo valor de 2, donde la situación cambia obteniéndose cada vez un resultado peor.

En cuanto a la interpretación visual de los resultados para esta adquisición, en la figura 4.7 se muestran las imágenes reconstruidas. Los efectos que se producen por la variación de la desviación permitida, son similares a los de la adquisición con 32 líneas ACS, salvo que en este caso son algo más acusados. Como se puede ver en la figura 4.7a el aliasing vuelve a aparecer y en este caso incluso de manera más acusada. En cambio en la figura 4.7b, de nuevo se obtiene el mejor resultado, el efecto de aliasing desaparece y la aparición de ruido aun no se hace patente, efecto que de nuevo vuelve a aparecer en la figura 4.7c. Por último, en la figura 4.7d se vuelve a mostrar el peor caso para una adquisición con 16 líneas ACS.

En base a los resultados obtenidos con las reconstrucciones para ambas adquisiciones, se puede afirmar que la discriminación estadística también mejora los resultados obtenidos con el método GRAPPA original. Esta modificación añade una mejora sustancial respecto del método original más notable cuantas menos líneas ACS se tengan en cuenta.

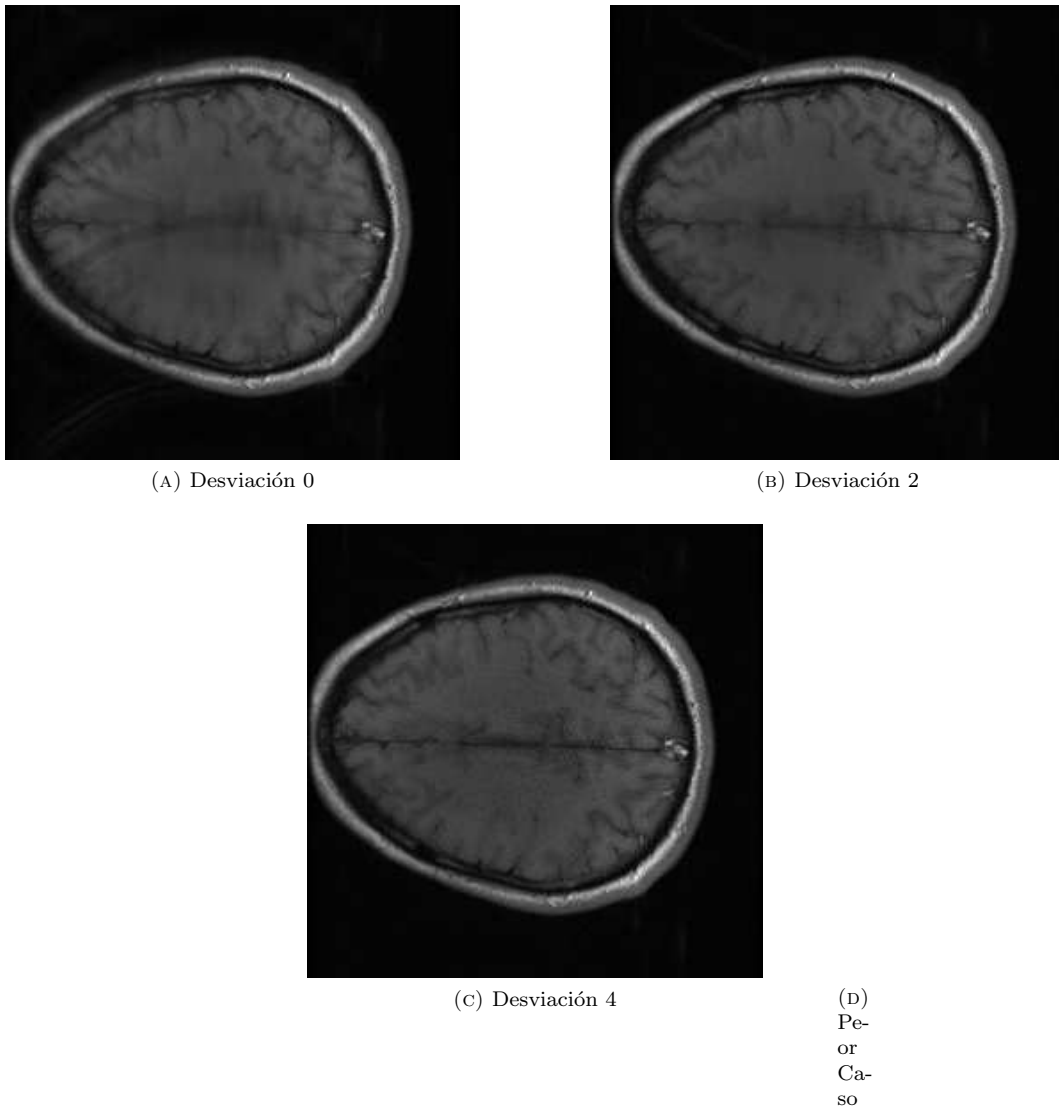


FIGURA 4.7: Comparativa para el método GRAPPA con discriminación estadística con 16 líneas ACS

CONCLUSIONES Y TRABAJO FUTURO

A lo largo de este trabajo se han descrito los principales métodos de reconstrucción de pMRI acelerada existentes. Se han comentado sus principales ventajas e inconvenientes y en base a ello se ha justificado el por qué el resto del estudio iría enfocado en la búsqueda de mejoras al método GRAPPA. Su capacidad de autocalibración haciendo que el detallado conocimiento de los perfiles de sensibilidad de las bobinas a priori pase a un segundo plano, su robustez frente a problemas de cancelación de fase, su coste computacional relativamente bajo en comparación a otros métodos como SENSE, la sobredeterminación a la hora de calcular los coeficientes que añade el hecho de que componentes frecuenciales de todas las bobinas se vean involucrados en el ajuste a una componente de una bobina en particular. Todas estas ventajas consiguen que GRAPPA sea un fiel candidato a método a tomar como referencia sobre el cual seguir avanzando en las tareas investigadoras dentro del ámbito de la reconstrucción de imagen médica por resonancia magnética acelerada.

Las posibles mejoras propuestas a lo largo de este estudio han ido todas ellas enfocadas a modificar la manera en que se obtienen los coeficientes para la reconstrucción. La adición de ruido gaussiano a las líneas ACS, la discriminación de ajustes entorno a una ventana centrada a la componente continua en el espacio K o la discriminación según un método estadístico dan todas ellas lugar a coeficientes para la reconstrucción diferentes y como se ha mostrado siempre a valores más óptimos que los del método GRAPPA tradicional.

Se ha podido comprobar que añadir ruido gaussiano da lugar a imágenes de mayor calidad que las obtenidas con el método GRAPPA original. Sin embargo la calidad de las mismas es ligeramente peor que las obtenidas con las modificaciones de discriminación que son las que ofrecen los mejores resultados para todos los casos simulados.

Esto valida la principal hipótesis de este estudio: Emplear ecuaciones de ajuste a componentes situadas en un entorno cercano a la componente continua es contraproducente. Se ha podido comprobar como la no utilización de esas ecuaciones, aun dando lugar a sistemas menos sobredeterminados, conlleva a la obtención de imágenes cuyo MSE respecto de la imagen de referencia llega hasta casi mejoras del 50 %.

En cuanto a las modificaciones de discriminación ambas conducen a resultados muy similares. Con 16 líneas ACS la prefijada es la que obtiene resultados ligeramente mejores mientras que con 32 sucede justo lo contrario. Hay que tener en cuenta sin embargo que el coste de implementación de la discriminación prefijada es mínimo. Únicamente hay que descartar ajustes según un criterio de ubicación de la componente a ajustar. Esto no es así con la discriminación estadística donde primero es necesario calcular una serie de promediados para después calcular información estadística de los mismos en base a la cual se decide si tener en cuenta o no la ecuación de ajuste asociada.

La sencillez de la modificación con discriminación prefijada la convierte en principio en la opción más idónea, al menos hasta que la estadística consiga resultados notablemente mejores sobre ella.

Por tanto, como trabajo futuro, se plantea el continuar mejorando el sistema de discriminación, identificando cual es el mejor criterio para decidir si una ecuación de ajuste ha de tenerse en cuenta o no, siempre con el fin de obtener el conjunto de coeficientes de reconstrucción lo más óptimo posible. Dicho método ha de ser robusto de manera que mantenga su rendimiento tanto para diferentes número de líneas ACS como para distintos tamaños de bloque y factores de aceleración.

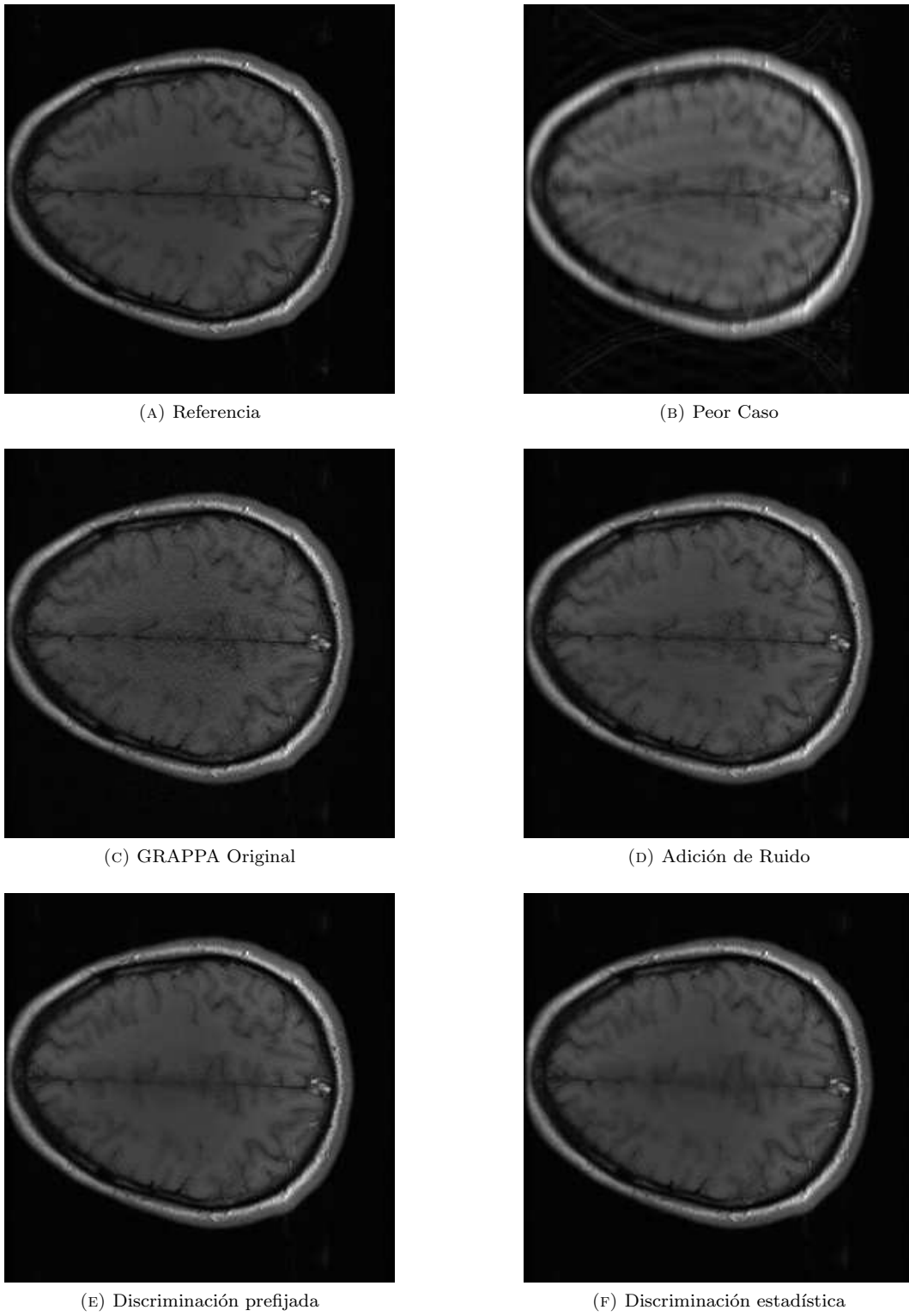


FIGURA 5.1: Comparativa de las distintas modificaciones para la reconstrucción con 32 líneas ACS

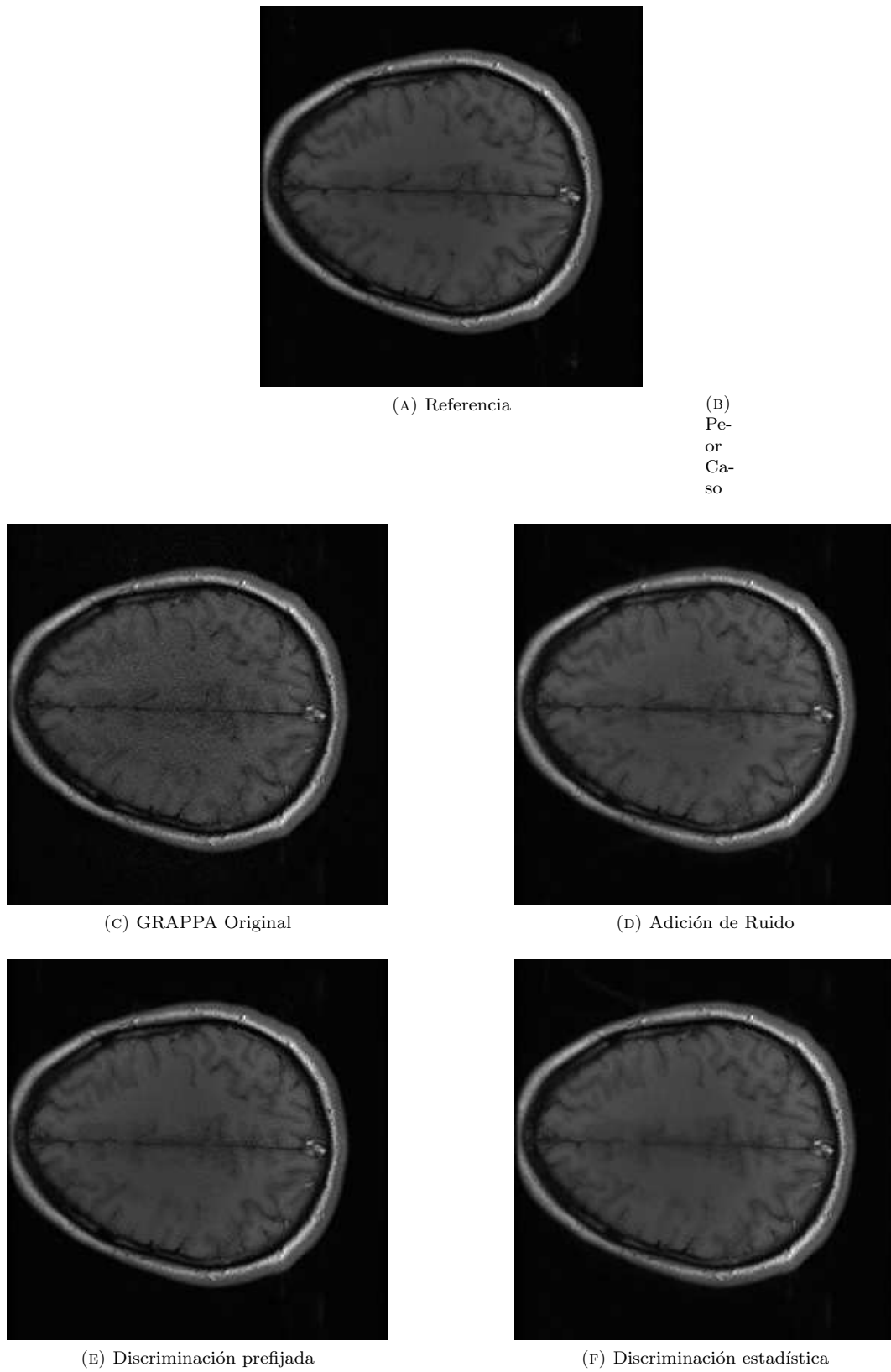


FIGURA 5.2: Comparativa de las distintas modificaciones para la reconstrucción con 16 líneas ACS

Método	Nº Ecuaciones	MSE	SSIM	QILV
Peor caso	N/A	6.1015	0.9005	0.7279
Original	8192	3.5094	0.8973	0.9959
Ruido	8192	2.1830	0.9628	0.9967
Prefijada	7463	1.8168	0.9721	0.9988
Estadística	6507	1.7995	0.9736	0.9983

CUADRO 5.1: Comparativa de las distintas modificaciones para la reconstrucción con 32 líneas ACS

Método	Nº Ecuaciones	MSE	SSIM	QILV
Peor caso	N/A	11.7533	0.8013	0.2602
Original	3584	4.4417	0.8499	0.9896
Ruido	3584	2.9365	0.9536	0.9873
Prefijada	3463	2.3273	0.9574	0.9988
Estadística	2970	2.4997	0.9632	0.9893

CUADRO 5.2: Comparativa de las distintas modificaciones para la reconstrucción con 16 líneas ACS

Apéndice A

MÉTODO GRAPPA CON DISCRIMINACIÓN PREFIJADA

```
function [Kr mask]=reconGRAPPAcw(Ks,Y,sizeK, blockSize,ACS>window,cc,pct,mode)
Nx=sizeK(1);
Ny=sizeK(2);
Nc=sizeK(3);

K=zeros(Ny,Nx,Nc);
K(Y,:,:) = Ks;

accFactor=Y(2)-Y(1);

xMargin=(blockSize(1)-1)/2;
yTopMargin=(blockSize(2)/2-(Y(1)==1))*accFactor+1-Y(1);
yBottomMargin=(blockSize(2)/2-(Ny==Y(end)))*accFactor+Y(end)-Ny;

Kaux= repmat(K,3,3);
K=Kaux(Ny+1-yTopMargin:2*Ny+yBottomMargin,Nx+1-xMargin:2*Nx+xMargin,:);
clear Kaux;

d=diff(Y);
acs=Y(min(find(d==1)): max(find(d==1))+1)+yTopMargin;
Kacs=K(acs,:,:) ;
if (mode==1)
    sigma=sqrt(pct/2*sum(sum(sum(abs(Kacs).^2))/prod(size(Kacs))));
    Kacsn=Kacs+sigma.*( randn(size(Kacs))+j.*randn(size(Kacs)) );
elseif (mode==2)
    %Kaux= repmat(Kacs,3,3);
    %Kacsn=Kaux(Ny+1-yTopMargin:2*Ny+yBottomMargin,Nx+1-xMargin:2*Nx+xMargin,:);
    Kacsn=zeros(size(Kacs));
    for n=1:Nc
        Kacsn(:,:,n)=conv2(Kacs(:,:,n),fspecial('gaussian'),'same');
    end
else
    Kacsn=Kacs;
end
zeroAcs=[Ny/2+yTopMargin+2-min(acs) Nx/2+xMargin+1];

blockX=1:blockSize(1); %En Kx
pos_X=blockX((blockSize(1)+1)/2);
blockY=1:accFactor:accFactor*(blockSize(2)-1)+1; %En Ky
pos_Y=blockY(blockSize(2)/2);

tamM=blockY(end);
mask=ones(size(Kacsn,1)-tamM+accFactor-1,Nx);
```

```

if (cc==1)
    low=0;
    upp=0;
    while (sum(low+1:length(acs)<zeroAcs(1))>sum(low+1:length(acs)>zeroAcs(1)))
        low=low+1;
        mask(low,:)=0;
    end
    while (sum(1:length(acs)-upp<zeroAcs(1))<sum(1:length(acs)-upp>zeroAcs(1)))
        mask(end-upp,:)=0;
        upp=upp+1;
    end
end
if (window>=0)
    mask(zeroAcs(1)-pos_Y-window(3):zeroAcs(1)-pos_Y+window(4),zeroAcs(2)-pos_X+1-
        window(1):zeroAcs(2)-pos_X+1+window(2))=0;
end

% Calculation of the coefficients used in the reconstruction
yRange=size(Kacsn,1)-blockY(end);
Ay=Nx*(yRange+1);
Ax=length(blockX)*length(blockY)*Nc;
A=zeros(Ay,Ax);
b=zeros(Ay,Nc);
Coefs=zeros(Ax,Nc,accFactor-1);
for k=1:accFactor-1
    for n=0:Nx-1
        for m=0:yRange
            if mask(m+k,n+1)>0
                A(1+m+n*(yRange+1),:)=reshape(Kacsn(blockY+m,blockX+n,:),1,Ax);
                b(1+m+n*(yRange+1),:)=Kacsn(m+pos_Y+k,n+pos_X,:);
            elseif mask(m+k,n+1)<0
                A(1+m+n*(yRange+1),:)=conj(reshape(flipdim(flipdim(Kacsn(blockY+m,
                    blockX+n,:),1),2),1,Ax));
                b(1+m+n*(yRange+1),:)=conj(Kacsn(m+pos_Y+accFactor-k,n+pos_X,:));
            else
                A(1+m+n*(yRange+1),:)=0;
                b(1+m+n*(yRange+1),:)=0;
            end
        end
    end
    Coefs(:, :, k)=lscov(A,b);
end
clear A;
clear b;

% Reconstruction
yRange=yTopMargin+Ny+yBottomMargin-blockY(end);
Ay=Nx*(yRange/accFactor+1);
A=zeros(Ay,Ax);
for n=0:Nx-1
    for m=0:accFactor:yRange
        A(1+m/accFactor+n*(yRange/accFactor+1),:)=reshape(K(blockY+m,blockX+n,:),
            1,Ax);
    end
end
for k=1:accFactor-1
    for l=1:Nc
        K(1+k+((0:yRange/accFactor)+(blockSize(2)/2-1))*accFactor,(1:Nx)+xMargin,1
            )=reshape(A*Coefs(:,l,k),yRange/accFactor+1,Nx);
    end
end

```

```
end
clear A;
if ACS==1
    K(acs ,: ,:)=Kacs;
end
Kr=K((1:Ny)+yTopMargin , (1:Nx)+xMargin ,:);
clear K;
```


Apéndice B

MÉTODO GRAPPA CON DISCRIMINACIÓN ESTADÍSTICA

```
function [Kr mask]=reconGRAPPAauto(Ks,Y, sizeK , blockSize ,ACS, window , cc , pct , mode)
Nx=sizeK (1) ;
Ny=sizeK (2) ;
Nc=sizeK (3) ;

K=zeros (Ny,Nx,Nc) ;
K(Y, :, :)=Ks;

accFactor=Y(2)-Y(1) ;

xMargin=(blockSize (1) -1) /2;
yTopMargin=(blockSize (2) /2-(Y(1)==1) * accFactor+1-Y(1) ;
yBottomMargin=(blockSize (2) /2-(Ny==Y(end)) * accFactor+Y(end)-Ny;

Kaux= repmat (K,3,3) ;
K=Kaux (Ny+1-yTopMargin :2*Ny+yBottomMargin ,Nx+1-xMargin :2*Nx+xMargin ,: ) ;
clear Kaux;

d=diff (Y) ;
acs=Y(min (find (d==1) ) :max (find (d==1) ) +1)+yTopMargin ;
Kacs=K (acs ,: ,: ) ;
if (mode==1)
    sigma=sqrt ( pct /2*sum (sum (sum (abs (Kacs) . ^2) ) ) /prod (size (Kacs) ) ) ;
    Kacsn=Kacs+sigma . * (randn (size (Kacs) ) +j . * randn (size (Kacs) ) ) ;
elseif (mode==2)
    %Kaux= repmat (Kacs,3,3) ;
    %Kacsn=Kaux (Ny+1-yTopMargin :2*Ny+yBottomMargin ,Nx+1-xMargin :2*Nx+xMargin ,: ) ;
    Kacsn=zeros (size (Kacs) ) ;
    for n=1:Nc
        Kacsn (: ,: ,n)=conv2 (Kacs (: ,: ,n) , fspecial ( 'gaussian ' ) , 'same ' ) ;
    end
else
    Kacsn=Kacs;
end
zeroAcs=[Ny/2+yTopMargin+2-min (acs) Nx/2+xMargin+1];

blockX=1:blockSize (1) ; %En Kx
pos_X=blockX (( blockSize (1) +1) /2) ;
blockY=1:accFactor :accFactor *( blockSize (2) -1)+1; %En Ky
pos_Y=blockY (blockSize (2) /2) ;

tamM=blockY (end) ;
mask=ones (size (Kacsn,1) -tamM+1,Nx) ;
```

```

if (cc==1)
    low=0;
    upp=0;
    while (sum(low+1:length(acs)<zeroAcs(1))>sum(low+1:length(acs)>zeroAcs(1)))
        low=low+1;
        mask(low,:)=0;
    end
    while (sum(1:length(acs)-upp<zeroAcs(1))<sum(1:length(acs)-upp>zeroAcs(1)))
        mask(end-upp,:)=0;
        upp=upp+1;
    end
end
meanmatrix=zeros(size(mask));
for n=0:Nx-1
    for m=0:size(Kacs,1)-tamM
        meanmatrix(m+1,n+1)=sum(sum(sum((Kacsn((1:tamM)+m,blockX+n,:)))))/(tamM*
            blockSize(1)*Nc);
    end
end
vec=meanmatrix(:,[1:(min(acs)-yTopMargin-1),(max(acs)-yTopMargin+1):end]);
vec=reshape(vec,1,size(vec,1)*size(vec,2));
mean=sum(vec)/length(vec);
deviation=sqrt(sum(abs(vec-mean).^2)/length(vec));
mask(abs(meanmatrix)>abs(mean)+window*deviation)=0;

% Calculation of the coefficients used in the reconstruction
yRange=size(Kacsn,1)-blockY(end);
Ay=Nx*(yRange+1);
Ax=length(blockX)*length(blockY)*Nc;
A=zeros(Ay,Ax);
b=zeros(Ay,Nc);
Coefs=zeros(Ax,Nc,accFactor-1);
for k=1:accFactor-1
    for n=0:Nx-1
        for m=0:yRange
            if mask(m+1,n+1)>0
                A(1+m+n*(yRange+1),:)=reshape(Kacsn(blockY+m,blockX+n,:),1,Ax);
                b(1+m+n*(yRange+1),:)=Kacsn(m+pos_Y+k,n+pos_X,:);
            elseif mask(m+1,n+1)<0
                A(1+m+n*(yRange+1),:)=conj(reshape(flipdim(flipdim(Kacsn(blockY+m,
                    blockX+n,:),1),2),1,Ax));
                b(1+m+n*(yRange+1),:)=conj(Kacsn(m+pos_Y+accFactor-k,n+pos_X,:));
            else
                A(1+m+n*(yRange+1),:)=0;
                b(1+m+n*(yRange+1),:)=0;
            end
        end
    end
    Coefs(:, :, k)=lscov(A,b);
end
clear A;
clear b;

% Reconstruction
yRange=yTopMargin+Ny+yBottomMargin-blockY(end);
Ay=Nx*(yRange/accFactor+1);
A=zeros(Ay,Ax);
for n=0:Nx-1
    for m=0:accFactor:yRange
        A(1+m/accFactor+n*(yRange/accFactor+1),:)=reshape(K(blockY+m,blockX+n,:))

```

```
        ,1 ,Ax) ;
    end
end
for k=1:accFactor-1
    for l=1:Nc
        K(1+k+((0:yRange/accFactor)+(blockSize(2)/2-1))*accFactor ,(1:Nx)+xMargin , l
            )=reshape(A*Coefs (: , l , k) ,yRange/accFactor+1,Nx) ;
    end
end
clear A;
if ACS==1
    K(acs ,: ,:)=Kacs;
end
Kr=K((1:Ny)+yTopMargin ,(1:Nx)+xMargin ,:);
clear K;
```


Apéndice C

SIMULACIÓN DE ADQUISICIÓN ACELERADA INCLUYENDO LÍNEAS ACS

```
function [Ks,Y]=simAcquisition(K,accFactor,nACS)
n=size(K,1);
Z=zeros(n,1);

Z(1:accFactor:n)=1;
if (nACS>0)
    Z(n/2-nACS/2+1:n/2+nACS/2)=1;
end
Y=find(Z);
Ks=K(Y,:,:) ;
```


BIBLIOGRAFÍA

- [1] S. Aja-Fernandez, R.S.J. Estepar, C. Alberola-Lopez, and C.-F. Westin. Image quality assessment based on local variance. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2006. EMBS '06. 28th Annual International Conference of the IEEE*, pages 4815–4818, 30 2006-sept. 3 2006.
- [2] A.M. Eskicioglu and P.S. Fisher. Image quality measures and their performance. *Communications, IEEE Transactions on*, 43(12):2959–2965, dec 1995.
- [3] Mark A. Griswold, Peter M. Jakob, Robin M. Heidemann, Mathias Nittka, Vladimir Jellus, Jianmin Wang, Berthold Kiefer, and Axel Haase. Generalized autocalibrating partially parallel acquisitions (grappa). *Magnetic Resonance in Medicine*, 47(6):1202–1210, 2002.
- [4] J.P. Hornak. *The Basics of MRI, a hypertext book on magnetic resonance imaging*. 1996.
- [5] David J Larkman and Rita G Nunes. Parallel magnetic resonance imaging. *Physics in Medicine and Biology*, 52(7):R15, 2007.
- [6] Zhi-Pei Liang and Paul C. Lauterbur. *Principles of Magnetic Resonance Imaging: A Signal Processing Perspective*. Wiley-IEEE Press, October 1999.
- [7] P. B. Roemer, W. A. Edelstein, C. E. Hayes, S. P. Souza, and O. M. Mueller. The nmr phased array. *Magnetic Resonance in Medicine*, 16(2):192–225, 1990.
- [8] Haifeng Wang, Dong Liang, K.F. King, G. Nagarsekar, and L. Ying. Cross-sampled grappa for parallel mri. In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2010 Annual International Conference of the IEEE*, pages 3325–3328, 31 2010-sept. 4 2010.
- [9] Zhou Wang, A.C. Bovik, H.R. Sheikh, and E.P. Simoncelli. Image quality assessment: from error visibility to structural similarity. *Image Processing, IEEE Transactions on*, 13(4):600–612, april 2004.